

6  
PCT/JP97/04056

日 本 国 特 許 庁

PATENT OFFICE  
JAPANESE GOVERNMENT

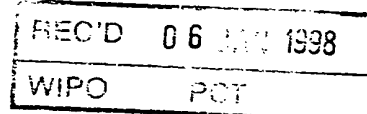
07.11.97

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出 願 年 月 日  
Date of Application:

1996年11月13日



出 願 番 号  
Application Number:

平成 8年特許願第301429号

出 願 人  
Applicant(s):

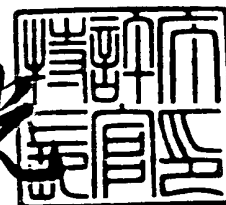
財団法人相模中央化学研究所  
株式会社プロテジーン

PRIORITY DOCUMENT

1997年12月12日

特 許 庁 長 官  
Commissioner,  
Patent Office

荒井寿光



出証番号 出証特平09-3102357

【書類名】 特許願

【整理番号】 S018074

【提出日】 平成 8年11月13日

【あて先】 特許庁長官殿

【発明の名称】 膜貫通ドメインを有するヒト蛋白質およびそれをコードするDNA

【請求項の数】 4

【発明者】

【住所又は居所】 神奈川県相模原市南台1-9-2

【氏名】 加藤 誠志

【発明者】

【住所又は居所】 神奈川県相模原市西大沼4-4-1

【氏名】 関根 伸吾

【発明者】

【住所又は居所】 東京都葛飾区高砂5-13-11

【氏名】 山口 知子

【発明者】

【住所又は居所】 神奈川県藤沢市長後647-2

【氏名】 小林 みどり

【特許出願人】

【代表出願人】

【識別番号】 000173762

【郵便番号】 229

【住所又は居所】 神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号

【氏名又は名称】 財団法人相模中央化学研究所

【代表者】 近藤 聖

【電話番号】 0427(42)4791

【特許出願人】

【識別番号】 596134998

特平 8-301429

【郵便番号】 153  
【住所又は居所】 東京都目黒区中町2丁目20番3号  
【氏名又は名称】 株式会社プロテジーン  
【代表者】 棚井 丈雄  
【電話番号】 03(3792)1019  
【手数料の表示】  
【予納台帳番号】 011501  
【納付金額】 21,000円  
【提出物件の目録】  
【物件名】 明細書 1  
【物件名】 図面 1  
【物件名】 要約書 1  
【プルーフの要否】 要

【書類名】 明細書

【発明の名称】 膜貫通ドメインを有するヒト蛋白質およびそれをコードするDNA

【特許請求の範囲】

【請求項1】 配列番号1から配列番号2あるいは配列番号4から配列番号25で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質。

【請求項2】 請求項1記載の蛋白質のいずれかをコードするDNA。

【請求項3】 配列番号26から配列番号50で表される塩基配列のいずれかを含むcDNA。

【請求項4】 配列番号51から配列番号75で表される塩基配列のいずれかからなる、請求項3記載のcDNA。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明は、膜貫通ドメインを有するヒト蛋白質、およびそれをコードしているDNAに関する。本発明の蛋白質は、医薬品として、あるいは該蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のヒトcDNAは、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、該cDNAがコードしている蛋白質を大量生産するための遺伝子源として用いることができる。

【0002】

【従来の技術】

膜蛋白質は、シグナルレセプター、イオンチャネル、トランスポーターなどとして、細胞膜を介する物質輸送や情報伝達において重要な役割を担っている。例えば、各種サイトカインに対するレセプター、ナトリウムイオン・カリウムイオン・塩素イオン等に対するイオンチャネル、糖・アミノ酸等に対するトランスポーターなどが知られており、その多くはすでに遺伝子もクローン化されている。

【0003】

これらの膜蛋白質の異常は、これまで原因不明であった多くの病気と関連していることがわかってきた。例えば、嚢胞性線維症の原因遺伝子として12個の膜貫通ドメインを有する膜蛋白質の遺伝子が同定された[Rommens, J. M. et al., Science 245:1059-1065 (1989)]。また、いくつかの膜蛋白質は、ウイルスが細胞に感染する際のレセプターとして働いていることがわかってきた。例えば、HIV-1は、T細胞膜上の膜蛋白質、CD4抗原と7個の膜貫通ドメインを有する膜蛋白質ヒュージンを介して細胞内に感染することが示された[Feng, Y. et al., Science 272:872-877 (1996)]。従って、新しい膜蛋白質が見い出せれば、多くの病気の原因解明につながるものと期待され、膜蛋白質をコードする新たな遺伝子の単離が望まれている。

## 【0004】

従来、膜蛋白質は、精製することが困難なので、遺伝子の方からのアプローチによって単離されたものが多い。一般的な方法は、cDNAライブラリーを動物細胞に導入して、cDNAを発現させたのち、目的とする膜蛋白質を膜上に発現している細胞を、抗体を用いる免疫学的な手法や膜の透過性の変化を生理学的な手法で検出する、いわゆる発現クローニングである。しかしこの方法では機能のわかった膜蛋白質の遺伝子しかクローン化できない。

## 【0005】

一般に膜蛋白質は、蛋白質内部に疎水性の膜貫通ドメインを有しており、リボソームで合成された後、このドメインがリン脂質膜内に留まり膜にトラップされる。従って、完全長cDNAの全塩基配列を決定してやり、そのcDNAがコードしている蛋白質のアミノ酸配列の中に疎水性の高い膜貫通ドメインが存在すれば、そのcDNAは膜蛋白質をコードしていると考えられる。

## 【0006】

## 【発明が解決しようとする課題】

本発明の目的は、膜貫通ドメインを有する新規のヒト蛋白質、および該蛋白質をコードするDNAを提供することである。

## 【0007】

## 【課題を解決するための手段】

本発明者らは鋭意研究の結果、ヒト完全長cDNAバンクの中から膜貫通ドメインを有するcDNAをクローン化し、本発明を完成した。すなわち、本発明は膜貫通ドメインを有するヒト蛋白質である、配列番号1から配列番号2あるいは配列番号4から配列番号25で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質を提供する。また本発明は上記蛋白質をコードするDNA、例えば配列番号26から配列番号50で表される塩基配列のいずれかを含むcDNAを提供する。

【0008】

## 【発明の実施の形態】

本発明の蛋白質は、ヒトの臓器、細胞株などから単離する方法、本発明のアミノ酸配列に基づき化学合成によってペプチドを調製する方法、あるいは本発明の膜貫通ドメインをコードするDNAを用いて組換えDNA技術で生産する方法などにより取得することができるが、組換えDNA技術で取得する方法が好ましく用いられる。例えば、本発明のcDNAを有するベクターからインビトロ転写によってRNAを調製し、これを鋳型としてインビトロ翻訳を行なうことによりインビトロで蛋白質を発現できる。また翻訳領域を公知の方法により適当な発現ベクターに組換えてやれば、大腸菌、枯草菌、酵母、動物細胞等で、コードしている蛋白質を大量に生産することができる。

【0009】

本発明の蛋白質を、大腸菌などの微生物で生産させる場合には、微生物中で複製可能なオリジン、プロモーター、リボソーム結合部位、cDNAクローニング部位、ターミネーター等を有する発現ベクターに、本発明のcDNAの翻訳領域を組換えた発現ベクターを作成し、該発現ベクターで宿主細胞を形質転換したのち、得られた形質転換体を培養してやれば、該cDNAがコードしている蛋白質を微生物内で大量生産することができる。この際、任意の翻訳領域の前後に開始コドンと停止コドンを付加して発現させてやれば、任意の領域を含む蛋白質断片を得ることができる。あるいは、他の蛋白質との融合蛋白質として発現させることもできる。該融合蛋白質を適当なプロテアーゼで切断することによって該cDNAがコードする蛋白質部分のみを取得することもできる。

【0010】

本発明の蛋白質を、動物細胞で生産させる場合には、該cDNAの翻訳領域を、プロモーター、スプライシング領域、ポリ(A)付加部位等を有する動物細胞用発現ベクターに組換え、動物細胞内に導入してやれば、本発明の蛋白質を膜蛋白質として細胞膜表面上で生産することができる。

【0011】

本発明の蛋白質には、配列番号1から配列番号2あるいは配列番号4から配列番号25で表されるアミノ酸配列のいかなる部分アミノ酸配列を含むペプチド断片(5アミノ酸残基以上)も含まれる。これらのペプチド断片は抗体を作製するための抗原として用いることができる。また、本発明の蛋白質の中でシグナル配列を有するものは、シグナル配列が除去された後、成熟蛋白質の形で細胞表面に出てくる。したがって、これらの成熟蛋白質は本発明の蛋白質の範疇にはいる。成熟蛋白質のN末端アミノ酸配列は、シグナル配列切断部位決定法[特開平8-187100]を用いて容易に求めることができる。また、いくつかの膜蛋白質は、細胞表面でプロセッシングを受けて分泌型となる。このような分泌型となった蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。アミノ酸配列の中に糖鎖結合部位が存在すると、適当な動物細胞で発現させれば糖鎖が付加した蛋白質が得られる。したがって、このような糖鎖が付加した蛋白質あるいはペプチドも本発明の蛋白質の範疇にはいる。

【0012】

本発明のDNAには、上記蛋白質をコードするすべてのDNAが含まれる。該DNAは、化学合成による方法、cDNAクローニングによる方法などを用いて取得することができる。

【0013】

本発明のcDNAは、例えばヒト細胞由来cDNAライブラリーからクローン化することができる。cDNAはヒト細胞から抽出したポリ(A)<sup>+</sup>RNAを鋳型として合成する。ヒト細胞としては、人体から手術などによって摘出されたものでも培養細胞でも良い。cDNAは、岡山-Berg法[Okayama, H. and Berg, P., Mol. Cell. Biol. 2:161-1

70 (1982)]、Gubler-Hoffman法 [Gubler, U. and Hoffman, J., Gene 25:263-269 (1983)] などいかなる方法を用いて合成してもよいが、完全長クローンを効率的に得るためには、実施例にあげたようなキャッピング法 [Kato, S. et al., Gene 163:193-196 (1995)] を用いることが望ましい。

【0014】

膜貫通ドメインを有するヒト蛋白質をコードするcDNAの第一次選別は、cDNAライブラリーから任意に選択したcDNAクローンの部分塩基配列決定、塩基配列がコードするアミノ酸配列の決定、得られたN末端アミノ酸配列領域内の疎水性部分の有無の確認によって行なう。次いでシーケンシングによる全塩基配列の決定、インビトロ翻訳による蛋白質発現によって第二次選別行なう。本発明のcDNAが、分泌シグナル配列を有する蛋白質をコードしていることの確認は、シグナル配列検出法 [Yokoyama-Kobayashi, M. et al., Gene 163:193-196 (1995)] を用いて行なう。すなわち、ターゲット蛋白質のN末端をコードするcDNA断片を、ウロキナーゼのプロテアーゼドメインをコードするcDNAと融合させたのち、COS細胞内で発現させ、ウロキナーゼ活性が細胞培養液中に検出された場合には、挿入したcDNA断片がコードしている部分が、シグナル配列として機能していることを意味する。一方、ウロキナーゼ活性が培地中に検出できない場合には、N末端部は膜中に留まっていることを意味する。

【0015】

本発明のcDNAは、配列番号26から配列番号50で表される塩基配列あるいは配列番号51から配列番号75で表される塩基配列のいずれかを含むことを特徴とするものである。それぞれのクローン番号 (HP番号)、cDNAクローンが得られた細胞、cDNAの全塩基数、コードしている蛋白質のアミノ酸残基数をそれぞれ表1にまとめて示した。

【0016】

【表1】



表1

配列番号	HP番号	細胞	塩基数	アミノ酸 残基数
1、26、51	HP00442	HT-1080	986	205
2、27、52	HP00804	白血球	1824	371
3、28、53	HP01098	胃癌	1076	179
4、29、54	HP01148	肝臓	1591	347
5、30、55	HP01293	肝臓	1888	554
6、31、56	HP10013	KB	2033	350
7、32、57	HP10034	HT-1080	911	209
8、33、58	HP10050	HT-1080	601	163
9、34、59	HP10071	胃癌	394	92
10、35、60	HP10076	U937	732	172
11、36、61	HP10085	U937	697	149
12、37、62	HP10122	胃癌	1186	188
13、38、63	HP10136	U937	1409	215
14、39、64	HP10175	胃癌	974	112
15、40、65	HP10179	KB	925	114

【0017】

【表2】

表1 (つづき)

配列番号	HP番号	細胞	塩基数	アミノ酸 残基数
16、41、66	HP10196	HT-1080	1115	327

17、42、67	HP10235	HT-1080	1721	373
18、43、68	HP10297	胃癌	1504	183
19、44、69	HP10299	胃癌	532	116
20、45、70	HP10301	KB	662	152
21、46、71	HP10302	肝臓	2373	559
22、47、72	HP10304	U-2 OS	1404	330
23、48、73	HP10305	U-2 OS	893	108
24、49、74	HP10306	U-2 OS	690	101
25、50、75	HP10328	KB	2186	372

【0018】

なお、配列番号51から配列番号75のいずれかに記載のcDNAの塩基配列に基づいて合成したオリゴヌクレオチドプローブを用いて、本発明で用いたヒト細胞株やヒト組織から作製したcDNAライブラリーをスクリーニングすることにより、本発明のcDNAと同一のクローンを容易に得ることができる。

【0019】

一般にヒト遺伝子は個体差による多型が頻繁に認められる。従って配列番号51から配列番号75において、1又は複数個のヌクレオチドの付加、欠失および／又は他のヌクレオチドによる置換がなされているcDNAも本発明の範疇にはいる。

【0020】

同様に、これらの変更によって生じる、1又は複数個のアミノ酸の付加、欠失および／又は他のアミノ酸による置換がなされている蛋白質も、配列番号1から配列番号2あるいは配列番号4から配列番号25で表されるアミノ酸配列を有するそれぞれの蛋白質の活性を有する限り、本発明の範疇に入る。

【0021】

本発明のcDNAには、配列番号26から配列番号50で表される塩基配列あるいは配列番号51から配列番号75で表される塩基配列のいかなる部分塩基配列を含むcDNA断片(10bp以上)も含まれる。また、センス鎖およびアン

チセンス鎖からなるDNA断片もこの範疇にはいる。これらのDNA断片は遺伝子診断用のプローブとして用いることができる。

【0022】

【実施例】

次に実施例により発明を具体的に説明するが、本発明はこれらの例に限定されるものではない。DNAの組換えに関する基本的な操作および酵素反応は、文献["Molecular Cloning. A Laboratory Manual", Cold Spring Harbor Laboratory, 1989]に従った。制限酵素および各種修飾酵素は特に記載の無い場合宝酒造社製のものを用いた。各酵素反応の緩衝液組成、並びに反応条件は付属の説明書に従った。cDNA合成は文献[Kato, S. et al., Gene 150:243-250 (1994)]に従った。

【0023】

(1) ポリ(A)<sup>+</sup>RNAの調製

mRNAを抽出するためのヒト細胞として、繊維肉腫細胞株HT-1080(ATCC CCL 121)、類表皮癌細胞株KB(ATCC CRL 17)、組織球リンホーマ細胞株U937(ATCC CRL 1593)、骨肉腫細胞株U-2 OS(ATCC HTB 96)、末梢血から分離した白血球、手術によって摘出された胃癌組織並びに肝臓を用いた。それぞれの細胞株の培養は、常法に従って行った。

【0024】

ヒト細胞約1gを5.5Mグアニジウムチオシアネート溶液20ml中でホモジナイズした後、文献[Okayama, H. et al., "Methods in Enzymology" Vol. 164, Academic Press, 1987]に従い、総mRNAを調製した。これを20mMトリス塩酸緩衝液(pH7.6)、0.5MNaCl、1mMEDTAで洗浄したオリゴdTセルロースカラムにかけ、上掲文献に従いポリ(A)<sup>+</sup>RNAを得た。

【0025】

(2) cDNAライブラリーの作製

上記ポリ(A)<sup>+</sup>RNA 10  $\mu$ gを100 mMトリス塩酸緩衝液(pH 8)に溶解し、RNaseを含まないバクテリア由来アルカリホスファターゼ1単位を添加し、37℃1時間反応させた。反応液をフェノール抽出後、エタノール沈殿を行ない、ペレットを50 mM 酢酸ナトリウム(pH 6)、1 mM EDTA、0.1% 2-メルカプトエタノール、0.01% Triton X-100溶液に溶解した。これに、タバコ由来酸ピロホスファターゼ(エピセンターテクノロジーズ社製)1単位を添加して、総量100  $\mu$ lで37℃1時間反応させた。反応液をフェノール抽出後、エタノール沈殿を行ない、ペレットを水に溶解し、脱キャップ処理したポリ(A)<sup>+</sup>RNA溶液を得た。

【0026】

脱キャップ処理したポリ(A)<sup>+</sup>RNA、DNA-RNAキメラオリゴヌクレオチド(5'-dG-dG-dG-dG-dA-dA-dT-dT-dC-dG-dA-G-G-A-3') 3 nmolを50 mMトリス塩酸緩衝液(pH 7.5)、0.5 mM ATP、5 mM MgCl<sub>2</sub>、10 mM 2-メルカプトエタノール、25% ポリエチレングリコール水溶液に溶解し、T4 RNAリガーゼ50単位を添加し、総量30  $\mu$ lで20℃12時間反応させた。反応液をフェノール抽出後、エタノール沈殿を行ない、ペレットを水に溶解し、キメラオリゴキャップ付加ポリ(A)<sup>+</sup>RNAを得た。

【0027】

本発明者らが開発したベクターpKA1(特開平4-117292号公報)をKpnIで消化後、末端転移酵素により約60個のdTテールを付加した。これをEcoRV消化して片側のdTテールを除去したものをベクタープライマーとして用いた。

【0028】

先に調製したキメラオリゴキャップ付加ポリ(A)<sup>+</sup>RNA 6  $\mu$ gを、ベクタープライマー1.2  $\mu$ gとアニールさせた後、50 mMトリス塩酸緩衝液(pH 8.3)、75 mM KCl、3 mM MgCl<sub>2</sub>、10 mM ジチオスレイトール、1.25 mM dNTP (dATP+dCTP+dGTP+dTTP)溶液に溶解し、逆転写酵素(GIBCO-BRL社製)200単位を添加し、総量20  $\mu$ l

で42℃1時間反応させた。反応液をフェノール抽出後、エタノール沈殿を行ない、ペレットを50mMトリス塩酸緩衝液(pH7.5)、100mMNaCl、10mMMgCl<sub>2</sub>、1mMジチオスレイトール溶液に溶解した。これにEcoRI100単位を添加し、総量20μlで37℃1時間反応させた。反応液をフェノール抽出後、エタノール沈殿を行ない、ペレットを20mMトリス塩酸緩衝液(pH7.5)、100mMKCl、4mMMgCl<sub>2</sub>、10mM(NH<sub>4</sub>)<sub>2</sub>SO<sub>4</sub>、50μg/ml牛血清アルブミン溶液に溶解した。これに大腸菌DNアリガーゼ60単位を添加し、16℃16時間反応させた。反応液に2mMdNTP2μl、大腸菌DNAポリメラーゼI4単位、大腸菌RNaseH0.1単位を添加し、12℃1時間ついで22℃1時間反応させた。

## 【0029】

次いでcDNA合成反応液を用いて大腸菌DH12S(GIBCO-BRL社製)の形質転換を行なった。形質転換はエレクトロポレーション法によって行なった。形質転換体の一部を100μg/mlアンピシリン含有2xYT寒天培地上に蒔いて37℃一晚培養した。寒天上に生じた任意のコロニーを拾い100μg/mlアンピシリン含有2xYT培地2mlに接種して37℃で一晚培養した。培養液を遠心して、菌体からアルカリリシス法によりプラスミドDNAを調製した。プラスミドDNAはEcoRIとNotIで二重消化した後、0.8%アガロースゲル電気泳動を行ないcDNAインサートの大きさを求めた。また、得られたプラスミドを鋳型にして、蛍光色素で標識したM13ユニバーサルプライマーとTaqポリメラーゼ(アプライドバイオシステムズ社製キット)を用いてシーケンス反応を行なった後、蛍光DNAシーケンサー(アプライドバイオシステムズ社)にかけてcDNAの5'末端約400bpの塩基配列を決定した。配列データはホモ・プロテインcDNAバンクデータベースとしてファイル化した。

## 【0030】

(3) 膜貫通ドメインを有する蛋白質をコードしているcDNAの選択

ホモ・プロテインcDNAバンクに登録された塩基配列を3フレームのアミノ酸配列に変換し、開始コドンから始まるオープンリーディングフレーム(ORF

)の有無を調べた。次いでORFがコードしている部分のN末端に分泌蛋白質に特有なシグナル配列が認められるものを選択した。これらのクローンについては、エキソヌクレアーゼIIIによる欠失法を用いて、5'並びに3'両方向からシーケンシングを行い、全塩基配列の決定を行った。ORFがコードしている蛋白質について、Kyte-Doolittleの方法[Kyte, J & Doolittle, R. F., J. Mol. Biol. 157:105-132 (1982)]により、疎水性/親水性プロフィールを求め、疎水性領域の有無を調べた。コードしている蛋白質のアミノ酸配列中に膜貫通ドメインと思われる疎水的な領域がある場合には、この蛋白質は膜蛋白質であると見なした。  
【0031】

#### (4) 分泌シグナル検出ベクターpSSD3の構築

SV40プロモーターとウロキナーゼのプロテアーゼドメインcDNAを有するpSSD1[Yokoyama-Kobayashi, M. et al., Gene 163:193-196 (1995)]1 $\mu$ gを、BglII 5単位とEcoRV 5単位で消化した。ついでCIP処理によって5'末端の脱リン酸化を行った後、アガロースゲル電気泳動によって約4.2kbpのDNA断片をゲルから切り出し精製した。  
【0032】

2本のオリゴDNAリンカーL1(5'-GATCCCGGGTCACGTGGGAT-3')とL2(5'-ATCCCACGTGACCCGG-3')を合成し、T4ポリヌクレオチドキナーゼによりリン酸化した。両者をアニールしたのち、先に調製したpSSD1の切断片とT4DNAリガーゼにより連結し、大腸菌JM109を形質転換した。形質転換体からプラスミドpSSD3を調製し、リンカー挿入部分の塩基配列を決定することにより目的とする組換え体を確認した。得られたプラスミドの構造を図1に示す。本プラスミドベクターは、ポリクロニング部位に3種の平滑末端生成制限酵素部位、SmaI、PmaCI、EcoRVを有している。これらの切断部位は7bpの間隔で並んでいるので、この中のいずれかを選べば、挿入するcDNA断片の3種のフレームと合わせて融合蛋白質を発現するベクターを構築できる。

## 【0033】

## (5) 分泌シグナル配列の機能確認

上記工程の結果得られた分泌蛋白質候補クローンについて、N末端の疎水性領域が分泌シグナル配列として機能することを、文献記載の方法[Yokoyama-Kobayashi, M. et al., Gene 163:193-196 (1995)]によって確認した。まずターゲットcDNAを含んでいるプラスミドを、分泌シグナル配列をコードしていると考えられる部分の下流に存在する適当な制限酵素部位で切断した。もしこの制限酵素部位が突出末端である場合には、クレノウ処理やマングビーンヌクレアーゼ処理によって平滑末端にした。さらにHindIIIによる消化を行い、SV40プロモーターとその下流に分泌シグナル配列をコードしているcDNAを含むDNA断片をアガロースゲル電気泳動によって単離した。この断片を、pSSD3のHindIIIと、ウロキナーゼのコーディングフレームと合うように選択した制限酵素部位の間に挿入し、ターゲットcDNAの分泌シグナル配列部分とウロキナーゼプロテアーゼドメインの融合蛋白質を発現するためのベクターを構築した。

## 【0034】

融合蛋白質発現ベクターを有する大腸菌(宿主:JM109)を $100\mu\text{g}/\text{ml}$ アンピシリン含有2xYT培地2ml中で $37^\circ\text{C}$ 2時間培養した後、ヘルパーファージM13KO7( $50\mu\text{l}$ )を添加し、 $37^\circ\text{C}$ で一晩培養した。遠心によって分離した上澄からポリエチレングリコール沈殿によって一本鎖ファージ粒子を得た。これを $100\mu\text{l}$ の $1\text{mM}$ トリス- $0.1\text{mM}$ EDTA、 $\text{pH}8$ (TE)に懸濁した。また対照として、pSSD3、並びにウロキナーゼの完全長cDNAを含むベクターpKA1-UPA[Yokoyama-Kobayashi, M. et al., Gene 163:193-196 (1995)]から同様に調製した一本鎖ファージ粒子懸濁液を用いた。

## 【0035】

サル腎臓由来培養細胞COS7は、 $10\%$ ウシ胎児血清を含むダルベッコ改変イーグル(DMEM)培地中、 $5\%\text{CO}_2$ 存在下、 $37^\circ\text{C}$ で培養した。 $1\times 10^5$ 個のCOS7細胞を6穴プレート(ヌンク社、穴の直径3cm)に植え、 $5\%\text{C}$

O<sub>2</sub>存在下、37℃で22時間培養した。培地除去後、リン酸緩衝液で細胞表面を洗浄し、さらに50 mMトリス塩酸 (pH 7.5) を含むDMEM (TDMEM) で再度洗浄した。この細胞に一本鎖ファージ懸濁液1  $\mu$ l、DMEM 培地0.6 ml、TRANSFECTAMTM (IBF社) 3  $\mu$ lを懸濁したものを添加し、5% CO<sub>2</sub>存在下、37℃で3時間培養した。サンプル液を除去後、TDMEMで細胞表面を洗浄し、10% ウシ胎児血清含有DMEMを1穴あたり2 ml加え、5% CO<sub>2</sub>存在下、37℃にて2日間培養した。

【0036】

2% ウシフィブリノーゲン (マイルス社)、0.5% アガロース、1 mM塩化カルシウムを含む50 mMリン酸緩衝液 (pH 7.4) 10 mlに10単位のヒトトロピン (持田製薬) を加え、直径9 cmのプレート中で固化させ、フィブリンプレートを調製した。トランスフェクションしたCOS7細胞の培養上清10  $\mu$ lをフィブリンプレートに載せ、37℃15時間インキュベートした。得られた溶解円の直径をウロキナーゼ活性の指標とした。もし、cDNA断片が分泌シグナル配列として機能するアミノ酸配列をコードしていること場合には、融合蛋白質が分泌され、そのウロキナーゼ活性による溶解円を形成する。したがって、溶解円を形成しない場合には、融合蛋白質が膜にトラップされたままになっており、cDNA断片は膜貫通ドメインをコードしていると考えられる。

【0037】

#### (6) インビトロ翻訳による蛋白質合成

本発明のcDNAを有するプラスミドベクターを用いて、T<sub>N</sub>Tウサギ網状赤血球溶解物キット (プロメガ社製) によるインビトロ転写/翻訳を行なった。この際 [<sup>35</sup>S] メチオニンを添加し、発現産物をラジオアイソトープでラベルした。いずれの反応もキットに付属のプロトコールに従って行なった。プラスミド2  $\mu$ gを、T<sub>N</sub>Tウサギ網状赤血球溶解物1.2.5  $\mu$ l、緩衝液 (キットに付属) 0.5  $\mu$ l、アミノ酸混合液 (メチオニンを含まない) 2  $\mu$ l、[<sup>35</sup>S] メチオニン (アマーシャム社) 2  $\mu$ l (0.37 MBq/ $\mu$ l)、T7 RNAポリメラーゼ0.5  $\mu$ l、RNasin 20 Uを含む総量25  $\mu$ lの反応液中で30℃で90分間反応させた。反応液3  $\mu$ lにSDSサンプリングバッファー (125 m



Mトリス塩酸緩衝液、pH 6.8、120 mM 2-メルカプトエタノール、2% SDS 溶液、0.025% ブロモフェノールブルー、20% グリセロール) 2  $\mu$  l を加え、95°C 3 分間加熱処理した後、SDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動にかけた。オートラジオグラフィーを行ない、翻訳産物の分子量を求めた。

【0038】

(7) ノザンブロットハイブリダイゼーション

ヒト組織における発現パターンを調べるため、ノザンブロットハイブリダイゼーションを行った。ヒトの各組織から単離したポリ(A)<sup>+</sup>RNA をブロットした膜をクローンテック社から購入した。目的とするクローンから cDNA 断片を適当な制限酵素で切り出し、アガロースゲル電気泳動で単離したのち、ランダムプライマーラベリングキット(宝酒造社)により、[<sup>32</sup>P] dCTP (アマーシャム社) で標識した。ハイブリダイゼーションは、ブロット膜に付属の溶液を用いプロトコールに従って行った。

【0039】

(8) クローン例

<HP00442> (配列番号 1、26、51)

ヒト繊維肉腫細胞株 HT-1080 cDNA ライブラリーから得られたクローン HP00442 の cDNA インサートの全塩基配列を決定したところ、81 bp の 5' 非翻訳領域、618 bp の ORF、287 bp の 3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORF は 205 アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、5 箇所の膜貫通ドメインが存在した。図 2 に Kyte-Doolittle の方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、翻訳産物の明瞭なバンドは認められず、高分子量の位置にスミアなバンドが認められた。

【0040】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、パン酵母プロトン ATPase のプロテオリピッド蛋白質 PPA1 (SWISS-PROT アクセション番号 P23968) と類似性を有していた。表 2 に、本発明のヒト蛋白質 (HP) とパン酵母プロトン ATPase のプロテオリピ

ッドプロテインPPA1 (PL) のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。両者は、N末端を除く全領域にわたって56.8%の相同性を有していた。

【0041】

【表3】

表2

HP	MTGLALLYSGVFVAFWACALAVGVCYTIF-DLGFREFDVAWFLTETSPFMWS
	*..* . * . . . ** ***..**.
PL	MNKESKDDMSLGKFSFSHFLYYLVLI VVIVYGLYKLFTGHGSDINFGKFLLRTPYMWA
HP	NLGIGLAISLSVVGAAGIYITGSSII GGGVKAPRIKTNLVSII FCEAVAIYGI IMAIV
	****.* ..*****.*****.**.**.****.****.*****.*****.*.***
PL	NLGIALCVGLSVVGAAGIFITGSSMIGAGVRAPRITTKNLISII FCEVVAIYGLIIAIV
HP	ISNMAEPFSATDPKAI GHRNYHAGYSMFGAGLTVGLSNLFCGVCGIVGSGAALADAQNP
	.*.. **.. . . . * ..***.* **.*** ***..**.* **.*..**.*..**..*
PL	FSSKL--TVATAENMYSKSNLYTGYSLFWAGITVGASNLICGIAVGITGATAAISDAADS
HP	SLFVKILIVEIFGSAIGLFGVIVAILQTSRVKMGD
	.*****.***** .**.*..**.* ..*
PL	ALFVKILVIEIFGSILGLLGLIVGLLMAGKASEFQ

【0042】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有し、かつ開始コドンから含んでいるもの（例えば、アクセション番号H87379）が存在したが、この配列から本蛋白質を予想することはできない。

【0043】

パン酵母プロトンATPaseのプロテオリピッドプロテインは、細胞の成育に必須の膜蛋白質である [Apperson, M. et al., Bioche

m. Biophys. Res. Commun. 168:574-579 (1990)]。したがって、そのホモログである本発明の蛋白質も、ヒト細胞の成育において必須であると考えられ、この蛋白質の異常に起因する病気の診断や治療に用いることができる。

【0044】

<HP00804> (配列番号2、27、52)

ヒト白血球細胞cDNAライブラリーから得られたクローンHP00804のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、132bpの5'非翻訳領域、1116bpのORF、576bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは371アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、7箇所の膜貫通ドメインが存在した。図3にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、翻訳産物の明瞭なバンドは認められなかった。

【0045】

本発明のcDNA断片を用いて、ノザンブロットハイブリダイゼーションにより組織における発現パターンを検討したところ、図4に示すように、検討したすべての組織で発現していることが示された。したがって本発明の蛋白質はハウスキピング蛋白質であると思われる。

【0046】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ラットNMDAレセプターグルタミン酸結合サブユニット(Genbankアクセッション番号S61973)と類似性を有していた。表3に、本発明のヒト蛋白質(HP)とラットNMDAレセプターグルタミン酸結合サブユニット(RN)のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。このサブユニットは516アミノ酸残基からなり、その68番目のグルタミンから342番目のアルギニンまでの領域が、本発明の蛋白質のC末端270アミノ酸残基と92.6%の相同性を有していた。しかし、N末端領域に相同性は認められなかった。なお、本発明の蛋白質のN末端には、プロリン、チロシン、グリシンに富

む特徴的な繰り返し配列が認められた。

【0047】

【表 4】

表 3

HP MSHEKSFLVSGDNYPPNPGYPGGPQPPMPPYAQPPYPGAPYPQPPFQSPYPGQPGYPHG

RN MKRVSWSLGTA ILPQTLAILWGHKPLCLPMFSLPTLG

HP PSPYPQGGYPQGPYPQGGYPQGPYPQEGYPQGPYPQGGYPQGPYPQSPFPNPNPYGQPOVF

\*\*\*.\*\*\*\*\*. \*

RN PHTHRPLSSPLPMVNQGIPMVPVPI TRWLPLKDLLKEATHQGHYQSPFPNPNPYGQPPPF

HP PGQDPDSPQHGN YQEEGPPSY YDNQDFPATNWDDKSIRQAFIRKVFLVLT LQLSVTLSTV

\*\*\*.\*\*\*\*\*. \*\* \*\*\*\*\*

RN --QDPGSPQHGN YQEEGPPSY YDNQDFPSVNW-DKSIRQAFIRKVFLVLTQLSVTLSTV

HP SVFTFVAEVKGFVRENWVTYYVSYAVFFISLIVLSCCGDFRRKHPWNLVALSVLTASLSY

. . \*\*\*\*\* . \*\*\*\*\* . \*\*\*\*\* . \*\*\*\*\* . \*\*\*\*\* . \*\* \*\*\*\*

RN A IFTFVGEVKGFVRANVWTTYVSYA IFFISLIVLSCCGDFRKKHPWNLVALSILTISLSY

HP MVGMIA SFYNTEAVIMAVGITTAVCFTVVIFSMQTRYDFTSCMGVLLVSMVVLFIFA ILC

\*\*\*\*\*.\*\*\*\*\*

RN M V G M I A S F Y N T E A V I M A V G I T T A V C F T V V I F S M Q T R Y D F T S C M G V L L V S V V V L F I F A I L C

HP IFIRNRILEIVYASLGALLFTCF LAVDTQ LLLGNKQLSLSPEEYVFAALNLYTDIINIFL

\*\*\*\*\*

RN IFIRNRILEIVYASLGALLFTCF LAVDTQ LLLGNKQLSLSPEEYVFAALNLYTDIINIFL

HP YILTIIGRAKE

\*\*\*\*\*

RN YILTIIGRSQGIGQAPAQVAWWAQTHAPAMTLPSVLPLWFPAMAWSRGSPSRPRVCTLQ

【0048】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、ES

Tの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号W25936）が存在したが、いずれも本cDNAより短く、開始コドンから含んでいないものは見いだせなかった。

【0049】

ラットNMDAレセプターグルタミン酸結合サブユニットは、脳に特異的に存在するNMDAレセプター複合体のサブユニットの一つとして見いだされた[Kumar, K. N. et al., Nature 354:70-73 (1991)]。本発明の蛋白質との高い相同性に関わらず、N末端の配列や組織における発現パターンが異なることから、両者は異なる機能を有しているものと思われる。本発明の蛋白質は、チャンネルやトランスポーターに特徴的な7個の膜貫通ドメインを有することから、チャンネルやトランスポーターとしての役割を担っていると思われる。本発明の蛋白質は、細胞にとって必須であるハウスキーピング蛋白質であるので、この蛋白質の異常に起因する病気の診断や治療に用いることができる。

【0050】

<HP01098> (配列番号3、28、53)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP01098のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、61bpの5' 非翻訳領域、540bpのORF、475bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは179アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、1箇所の膜貫通ドメインが存在した。図5にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量20,625にほぼ一致する20kDaの翻訳産物が生成した。

【0051】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、イヌミクロソームシグナルペプチダーゼ18kDaサブユニット(SWISS-PROTアクセシオン番号P21378)と完全に一致していた。したがって、本発明のcDNAは、ミクロソームシグナルペプチダーゼ18kDaサブユニットのヒトホモログをコードしていることが示された。

【0052】

本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号T60549）が存在したが、不明瞭な配列が多く、本cDNAと同じORFは見いだせなかった。

【0053】

イヌミクロソームシグナルペプチダーゼ18kDaサブユニットは、ミクロソームに存在するシグナルペプチダーゼ複合体のサブユニットの一つとして見いだされた[Shelness, G. S. & Blobel, G., J. Biol. Chem. 265:9512-9519 (1990)]。シグナルペプチダーゼは、分泌蛋白質が小胞体で分泌される際に、シグナル配列を切断する酵素である。したがって、本発明のcDNAは、本蛋白質の生産や、本蛋白質の異常に起因する病気の診断や治療に用いることができる。

【0054】

<HP01148> (配列番号4、29、54)

ヒト肝臓cDNAライブラリーから得られたクローンHP01148のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、101bpの5' 非翻訳領域、1044bpのORF、446bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは347アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に1箇所の膜貫通ドメインが存在した。図6にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロファイルを示す。本蛋白質のN末端178アミノ酸残基をコードしているcDNA部分を含むHindIII-PvuII断片をpSSD3のHindIII-PmaCI部位に挿入した発現ベクターをCOS7細胞に導入したが、ウロキナーゼの分泌は認められず、本蛋白質は膜に留まっていることが示された。従って、本蛋白質はII型膜蛋白質であると思われる。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量38,101にほぼ一致する41kDaの翻訳産物が生成した。

【0055】

本発明のcDNA断片を用いて、ノザンブロットハイブリダイゼーションによ

り組織における発現パターンを検討したところ、図7に示すように、脾臓で強い発現が認められた。また肝臓においてもわずかに発現していることが示された。

【0056】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ウシWC1抗原（SWISS-PROTアクセション番号P30205）と類似性を有していた。表4に、本発明のヒト蛋白質（HP）とウシWC1抗原（WC）のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、．は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。両者は38％の相同性を有していた。

【0057】

【表5】

表4

HP	MALLFSLILAICTRPGFLASPSGVRLVGGLHRCEGRVEVEQKGQWGTVCDDGW
	.....***.*.*.*****.*.****.***.*
WC	VLPQCNDFLSQPAGSAASEESSPYCSDSRQLRLVDGGGPCGGRVEILDQGSWGTICDDDW
HP	DIKDVAVLCRELGC GAASGTPSGILYEPPEAEKEQKVLISVSCTGTEDTLAQCEQEE—V
	*..*.*.*.***.***.*.....*.....***.*.....*
WC	DLDDARVVCRLGCGEALNATGSAHF---GAGSGPIWLDDLNCTGKESHVWRCPSRGWGR
HP	YDCSHEEDAGASCENPESSFPVPEGVRLADGPGHCKGRVEVKHQNQWYTVCTGWSLRA
	***.*.***.*.*.....*.....*.....*.....*
WC	HDCRHKEDAGVIC--SE--F---LALRMVSEDQQCAGWLEVFYNGTWGSVCRSPMEDIT
HP	AKVVCRQLGCGRAVLTQKRCNKHAYGRKPIWLSQMSCSGREATLQDCPSGPWGKNTCNHD
	..*.*.***.*.....*.....*.....*.....*
WC	VSVICRQLGCGDGSGLNTSVGLRE-GSRPRWVDLIQCRKMDTSLWQCPSGPWKYSSCSPK
HP	EDTWVECE-----DPFDLRLVGGDNLCSGRLEVLHKGWGSVCDDNWGEKE
	*.....**.....*.....*.....*.....*
WC	EEAYISCEGRRPKSCPTAAACTDREKLRLRGGDSECSGRVEVWHNGSWGTVCCDSWSLAE
HP	DQVVCKQLGCGKSLSPSFRDRKCYGPGVGRIWLDNVRCSGEEQSLEQCQHRFWGFHDCTH

..\*\*\*.\*\*\*\*\*..\*..\*..\*\*\* \*..\*\*\*\*\*..\*..\* \* \* \* \* \*\* \*\*.\*  
 WC AEVVCQQLGCGQALE-AVR-SAAFPGNGSIWLDEVQCGGRESSLWDCVAEPWGQSDCKH  
 HP QEDVAVICSG  
 .\*\*\*..\* \*\*\*  
 WC EEDAGVRCSGVRTTLPTTTAGTRTTSNSLPGIFSLPGVLCLILGSLFLVLVILVTQLLR

【0058】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号H91200）が存在したが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0059】

ウシWC1抗原は、 $\gamma\delta$ T細胞に特異的に発現している膜抗原として見いだされた[Wijngaard, P. L. J. et al., J. Immunol. 149:3273-3277 (1992)]。類似性を示している領域は、スカベンジャーレセプターシステインリッチ(SRCR)ドメインと呼ばれており、他にもマクロファージスカベンジャーレセプター[Matsumoto, A. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 87:9133-9137 (1990)]やT細胞分化抗原CD6[Aruffo, A. et al., J. Exp. Med. 174:949-952 (1991)]などに繰り返し配列として存在する。本蛋白質は、脾臓に特異的に発現していることから、脾臓の機能と深い関係があると思われ、他のSRCRファミリーと同様、レセプターとして働いていると考えられる。

【0060】

<HP01293> (配列番号5、30、55)

ヒト肝臓cDNAライブラリーから得られたクローンHP01293のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、89bpの5'非翻訳領域、1665bpのORF、134bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは554アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、12箇所の膜貫通



ドメインが存在した。図8にK y t e - D o o l i t t l eの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、明瞭なバンドは認められず、高分子量の位置にスミアなバンドが認められた。

【0061】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ラットカチオントランスポーター（Genbankアクセション番号X78855）と類似性を有していた。表5に、本発明のヒト蛋白質（HP）とラットカチオントランスポーター（RN）のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、．は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。両者は、全領域にわたって78.1%の相同性を有していた。

【0062】

【表6】

表5

HP	MPTVDDILEQVGESGWFKQAFLILCLLSAAAFAPICVGIVFLGFTPDHHCQSPGVAELSQ
	*****.***** *****.***.***.***.*****.***.*****
RN	MPTVDDVLEQVGEGWFQQAFLLLCLISASLAPIYVGIVFLGFTPGHYCQNPQVAELSQ
HP	RCGWSPAEEELNYTPGLGPAGEA-FLGQCRRYEVDWNQSALSCVDPLASLATNRSHLPLG
	*****.*****.***.***.***.*****.***.*****.***.*****
RN	RCGWSQAEELNYTPGLGPSDEASFLSQCMRYEVDWNQSTLDCVDPLSSLVANRSQPLG
HP	PCQDGVVYDTPGSSIVTEFNLVCADSWKDLFQSCNLGFFFGSLGVGYFADRFRKRLCL
	***.*****.***.***.***.*****.***.*****.***.*****
RN	PCEHGWVYDTPGSSIVTEFNLVCGDAWKVDLFQSCVNLGFFFLGSLVVGVIADRFGRKLCL
HP	LGTVLVNAVSGVLMAFSPNYMSMLLFRLLQGLVSKGNWMAGYTLITEFVGSGSRRTVAIM
	*.***.*****.***.***.*****.***.***.*****.***.***
RN	LVTTLVTSVSGVLTAVAPDYTSMLLFRLLQGMVSKGSWVSGYTLITEFVGSGYRRTAIL
HP	YQMAFTVGLVALTGLAYALPHWRWLQAVSLPTFLFLYYWCVPEPRWLLSQKRNTEAI
	*****.***.***.***.*****.*****.*****.***.***

RN YQMAFTVGLVGLAGVAYAIPDWRWLQLAVSLPTFLFLYYWFPESPRWLLSQKRTTRAV

【0063】

【表7】

表5 (つづき)

HP KIMDHIAQKNGKLPPADLKMLSLEEDVTEKLSPSFADLFRTPRLRKRTFILMYLWFTDSV  
 .\*\*..\*\*\*\*\*.\*\*\*\*\*.\*\*\*\*..\*\* \*\*\*\*\*.\*\*\*\*.\* \*\*\*\*\*. .\*

RN RIMEQIAQKNGKVPPADLKMLCLEEDASEKRSPSFADLFRTPNLRKHTVILMYLWFSCAV

HP LYQGLILHMGATSGNLYLDFLYSALVEIPGAFIALITIDRVGRIYPMVSNLLAGAACLV  
 \*\*\*\*\*.\*.\*\*\*..\*\*\*\*\*.\*\*\*.\*\*\*.\*.\*\*\* \*.\*\*\*\*.\*\*\*\*\*.\*.\*\*\*..\*\*\*\*\*.

RN LYQGLIMHVGTGANLYLDFFYSSLVEFPAAFIILVTIDRIGRIYPIAASNLTGAACLL

HP MIFISPDHLHWNIIIMCVGRMGITIAIQMICLVNAELYPTFVRNLGVMVCSSLCDIGGII  
 \*\*\*\*...\*\*\*\*\*... \*.\*\*\*\* \*\*..\*\*..\*\*\*\*\*.\*\*\*\*\*.\*\*\*\*\*.\*\*\*.\*\*\*.

RN MIFIPHELHWNVTLACLGRMGATIVLQMVCLVNAELYPTFIRNLGMMVCSALCDLGGIF

HP TPFIVFRLREVWQALPLILFAVLGLLAAGVTLTLLPETKGVALPETMKDAENLG-RKAKPK  
 \*\*\*.\*\*\*\*.\*\*\*\*\*.\*\*\*\*\*.\*\*\*\* \*....\*\*\*\*\*.\*\*\*\*\*...\*\*\*\*\* \*\*.\*.\*

RN TPFMVFRLMEVWQALPLILFGLVGLTAGAMTLLLPETKGVALPETIEEAENLGRRKSKAK

HP ENTIYLVQVTSEPSGT  
 \*\*\*\*\*.\*\*\*...\*.\*

RN ENTIYLVQVTGKSSST

【0064】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したが、ヒト遺伝子並びにヒトESTの中に90%以上の相同性を有するものは見いだせなかった。

【0065】

ラットカチオントランスポーターは、腎臓における薬物排出に関与する膜蛋白質として見いだされた [Grundemann, D. et al., Natur

e 372:549-552 (1994)]。したがって、そのホモログである本発明の蛋白質も、同様の機能を有していると考えられ、この蛋白質の異常に起因する病気の診断や治療に用いることができる。また、薬物の排出に参与していると考えられることから、この蛋白質を発現させた細胞はこれらの薬物をデザインするための道具として用いることができる。さらに、この蛋白質は肝臓や腎臓で主に発現していることから、この蛋白質に対して親和性を有するものを作製すれば、これらの組織へのドラッグデリバリーシステムに応用できる。

【0066】

<HP10013> (配列番号6、31、56)

ヒト類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリーから得られたクローンHP10013のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、96bpの5' 非翻訳領域、1053bpのORF、884bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは350アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端にシグナル配列を、また内部に1箇所の膜貫通ドメインを有していた。図9にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。本蛋白質のN末端65アミノ酸残基をコードしているcDNA部分を含むHindIII-EcoO65I (マングベーンヌクレアーゼ処理)断片をpSSD3のHindIII-EcoRV部位に挿入した発現ベクターをCOS7細胞に導入したところ、培地中にウロキナーゼ活性が検出され、N末端がシグナル配列として機能していることが示された。従って、本蛋白質はI型膜蛋白質であると思われる。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量39,008にほぼ一致する39kDaの翻訳産物が生成した。

【0067】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したが、類似性を有する既知蛋白質はなかった。また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの(例えば、アクセション番号H07998)が存在したが、いずれも本cDNAより短く、開始コドンから含んでいるものは見いだせなかった。

【0068】

<HP10034> (配列番号7、32、57)

ヒト繊維肉腫細胞株HT-1080 cDNAライブラリーから得られたクローンHP10034のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、175bpの5' 非翻訳領域、630bpのORF、106bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは209アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、4箇所の膜貫通ドメインが存在した。図10にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量22,432にほぼ一致する21kDaの翻訳産物が生成した。

【0069】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒト腫瘍関連抗原L6 (SWISS-PROTアクセション番号P30408)と類似性を有していた。表6に、本発明のヒト蛋白質 (HP) とヒト腫瘍関連抗原L6 (L6) のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。両者は、31.8%の相同性を有していた。

【0070】

【0071】

【表8】

表6

HP	MVSSPCTQASSRTCSRILGLSLGTAALFAAGANVALLLPNWDVTYLLRGLLGRHAMLGTG
	*. * . * * * . * * . * * . * * * . * . * . * . *
L6	MCYGKCARCIGHSLVGLALLCIAANILLYFPNGETKYASENHLSRFVWFFSG
HP	LWGGGLMVLTAALILISL-MGWRYGCF--KSGLCRSVLTALLSGGLALLGALICFVTSG
	. * * * * . * . * . * . * . * * . * . * . * . * . * . * . *
L6	IVGGGLMLLPFAVFIFGLEQDDCCGCCGHENCGKRCAMLSSVLAALIGIAGSGYCVIVAA
HP	VALKDGPFCMFDVSSFNQTQAWKYGYPFKDLHSRNYLYDRSLWNSVCLEPSAAVVWHVSL
	. * * . * * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . * . *

L6 LGLAEGPLCL-D-----SLGQWNYTFASTE---GQYLLDTSTWSE-CTEPKHIVEWNVSL

HP FSALLCISLLQLLLVVVHVINSLLGLFCSLCEK

\*\* \*\* .. ....\* ...\*\*\*..\*\* .\*.\*

L6 FSILLALGGIEFILCLIQVINGVLGGICGFCCSHQQQYDC

【0072】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したが、ヒト遺伝子並びにヒトESTの中に90%以上の相同性を有するものは見いだせなかった。

【0073】

ヒト腫瘍関連抗原L6は、ヒト腫瘍の細胞表面に大量に発現している膜抗原TM4スーパーファミリー蛋白質の一つである[Marken, J. S. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 89:3503-3507 (1992)]。これらの膜抗原は、ある特定の細胞や癌細胞に特異的に発現しているので、これに対する抗体を作製すれば、各種診断やドラッグデリバリー用キャリアーとして利用できる。また、これらの膜抗原遺伝子を導入して膜抗原を発現させた細胞は、対応するリガンドの検出などに応用できる。

【0074】

<HP10050> (配列番号8、33、58)

ヒト繊維肉腫細胞株HT-1080cDNAライブラリーから得られたクローンHP10050のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、9bpの5'非翻訳領域、492bpのORF、100bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは163アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、1箇所の膜貫通ドメインが存在した。図11にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量18,364にほぼ一致する23kDaの翻訳産物が生成した。

【0075】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したが、類似

性を有する既知蛋白質はなかった。また、本cDNAの塩基配列を用いてGen Bankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号H03117）が存在したが、不明瞭な配列が多く、本cDNAと同じORFは見いだせなかった。

【0076】

<HP10071>（配列番号9、34、59）

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10071のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、46bpの5' 非翻訳領域、279bpのORF、69bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは92アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、2箇所の膜貫通ドメインが存在した。図12にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量10,094にほぼ一致する12kDaの翻訳産物が生成した。

【0077】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したが、類似性を有する既知蛋白質はなかった。また、本cDNAの塩基配列を用いてGen Bankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号R97442）が存在したが、不明瞭な配列が多く、本cDNAと同じORFは見いだせなかった。

【0078】

<HP10076>（配列番号10、35、60）

ヒトリンホーマ細胞株U937cDNAライブラリーから得られたクローンHP10076のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、81bpの5' 非翻訳領域、519bpのORF、132bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは172アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、2箇所の膜貫通ドメインが存在した。図13にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。本蛋白質のN末端167アミノ酸残基をコードしているcDNA部分を含むHindIII-EcoO65I（マングビーンヌクレアーゼ処理）断片をpSSD3のHindI

II-EcoRV部位に挿入した発現ベクターをCOS7細胞に導入したが、ウロキナーゼの分泌は認められず、本蛋白質は膜に留まっていることが示された。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量18,450にほぼ一致する24kDaの翻訳産物が生成した。

【0079】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、パン酵母仮想蛋白質 23.1 kDa (SWISS-PROT アクセション番号 P34222) と類似性を有していた。表 7 に、本発明のヒト蛋白質 (HP) と酵母仮想蛋白質 23.1 kDa (SC) のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。両者は、C 末端 139 アミノ酸残基の領域で 47.5 % の相同性を有していた。

【 0 0 8 0 】

## 【表 9】

表 7

```

HP                                     MEYLAHPSTLGLAVGVACGMCLGWS

SC  MITSFLMEKMTVSSNYTIALWATFTAISFAVG YQLGTSNASSTKKSSATLLRSKEMKEGK
HP  LRVCFGMLPKSKTSKTHDTETESEASILGD-SGEYKMILVVRNDLKMGGKGVAAQCSHAAV
      ...*..*..*.*.**.***.*.***.*.***.***.***.
SC  LHNDTDEEESESEDESEDEDIEDSTSLNDIPGEVRMALVIRQDLGMTKGKIAAQCCHAAL
HP  SAYKQI-----QRRNPEMLKQWEYCGQPKVVVKAPDEETLIALLAHAKMLGLTVSLIQD
      *...*      ..**.*..*   **.*...* **.*.*..*.* **.....*.*
SC  SCFRHIATNPARASYNPIMTQRWLNAGQAKITLKC PDKFTMDELYAKAISLGVNAAVIHD
HP  AGRTQIAPGSQTVLGIGPGPADLIDKVTGHLKLY
      *****.*.*.****.*.*.*...*..**.*****
SC  AGRTQIAAGSATVGLGLGPAPKAVLDQITGDLKLY

```

【0081】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号T74847）が存在したが、不明瞭な配列が多く、本cDNAと同じORFは見いだせなかった。

【0082】

<HP10085>（配列番号11、36、61）

ヒトリンホーマ細胞株U937cDNAライブラリーから得られたクローンHP10085のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、150bpの5' 非翻訳領域、450bpのORF、97bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは149アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に1箇所の膜貫通ドメインが存在した。図14にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。本蛋白質のN末端57アミノ酸残基をコードしているcDNA部分を含むHindIII-EcoRI（クレノウ処理）断片をpSSD3のHindIII-EcoRV部位に挿入した発現ベクターをCOS7細胞に導入したが、ウロキナーゼの分泌は認められず、本蛋白質は膜に留まっていることが示された。従って、本蛋白質はII型膜蛋白質であると思われる。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量17,307にほぼ一致する20kDaの翻訳産物が生成した。

【0083】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒト初期活性化抗原CD69（SWISS-PROTアクセション番号Q07108）と類似性を有していた。表8に、本発明のヒト蛋白質（HP）とヒト初期活性化抗原CD69（CD）のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。両者は、C末端112アミノ酸残基の領域で36.6%の相同性を有していた。

【0084】

【表10】



表 8

HP	MMTKHKKCFI
CD	MSSENCFAENSSLHPESGQENDATSPHFSTRHEGSFQVPVLCAMNVVFITILIIALIA
HP	IVGVLITTNIITLIVKLTRDSQSLCPYDWIGFQNKCYFYSKEEGDWNSSKYNCSTQHADL
	* *. **.*.*.***.*. . *.**..***. *.*
CD	LSVGQYNCPGQYTFSMPSDSHVSSCEDWVGYQRKCYFISTVKRSWTS AQNACSEHGATL
HP	TIIDNIEEMNFLRRYKCSSDHWIGLKMAKNRTGQWVDGATFTKSFGMRGSEGCAYLSDDG
	...*. ..***.*.***.***. .... *. *.*. *.. **. *.**.....
CD	AVIDSEKDMNFLKRYAGREEHWVGLKKEPGHPWKWSNGKEFNWVNTGSDKCVFLKNTE
HP	AATARCYTEKWKICRKRIH
	... * .. ***.*
CD	VSSMECEKNLYWICNKPYP

【0085】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号H11808）が存在したが、不明瞭な配列が多く、本cDNAと同じORFは見いだせなかった。

【0086】

ヒト初期活性化抗原CD69は、リンパ球を刺激した際に細胞表面に出現する糖蛋白質であり、C型レクチンスーパーファミリー蛋白質の一つである[Hamann, J. et al., J. Immunol. 150:4920-4927 (1993)]。これらの膜抗原は、ある特定の細胞に特異的に発現しているので、これに対する抗体を作製すれば、各種診断やドラッグデリバリー用キャリアーとして利用できる。また、これらの膜抗原遺伝子を導入して膜抗原を発現させた細胞は、対応するリガンドの検出などに応用できる。

【0087】

<HP10122> (配列番号12、37、62)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10122のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、138bpの5' 非翻訳領域、567bpのORF、481bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは188アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、2箇所の膜貫通ドメインが存在した。図15にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量21,175にほぼ一致する22kDaの翻訳産物が生成した。

【0088】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したが、類似性を有する既知蛋白質はなかった。また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号T80360）が存在したが、不明瞭な配列が多く、本cDNAと同じORFは見いだせなかった。

【0089】

<HP10136> (配列番号13、38、63)

ヒトリンホーマ細胞株U937cDNAライブラリーから得られたクローンHP10136のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、81bpの5' 非翻訳領域、648bpのORF、680bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは215アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、C末端に1箇所の膜貫通ドメインが存在した。図16にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量24,740にほぼ一致する28kDaの翻訳産物が生成した。

【0090】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、パン酵母蛋白質輸送蛋白質SLY2 (SWISS-PROTアクセション番号P22214) と類似性を有していた。表9に、本発明のヒト蛋白質 (HP) とパ

ン酵母蛋白質輸送蛋白質 S L Y 2 ( S C ) のアミノ酸配列の比較を示す。－はギャップを、＊は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、．は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。両者は、全領域にわたって 3 6 . 1 % の相同性を有していた。

【 0 0 9 1 】

【表 1 1】

表 9

```

HP  MVLLTMIARVADGLPLAASMQEDEQSGRDLQQYQSAKQLFRKLNEQSPTRCTLEAGAMT
    *.  *. *  ***** .*. . . . . * . . . * . . *. **.*  ***.*...
SC  MIKSTLIYRE-DGLPLCTSDVNENDPS--LFEQKQKVKIVVSR LTPQSATEATLES GSF E
HP  FHYIIEQGVCYLVLCEAAFPKKLAFAYLEDLHSEFDEQH GKKVPTVS-RPYSFIEFDTFI
    **. .  *.**.***...*...***.**.*.  **..  ... * . . *** *...***.*
SC  IHYLKKSMVYYFVICESGYPRNLAFSYLNDIAQEFEHSFANEYPKPTVRPYQFVNFDFNL
HP  QKTKKLYIDSRARRNLGSINTELQDVQRIMVANIEEVLQRGEALSALDSKANNLSSLSKK
    *.*** * *. . . . ** . * ** .*.**  ***..* **..* . . . . . *.. **.
SC  QMTKKSYSDDKKVQDNLQNLQELVGVKQIMSKNIEDLLYRGDSLDKMSDMSSSLKETS KR
HP  YRQDAKYLNMRSTYAKLAAVAVFFIMLIVYVRFWWL
    **..* . *.  .. *.. * . . . *.. ***.
SC  YRKSAQKINFDLLISQYAPI-VIVAFFVFL-FWWIFLK

```

【0092】

また、本 cDNA の塩基配列を用いて GenBank を検索したところ、EST の中に、90% 以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号 R80136）が存在したが、いずれも本 cDNA より短く、開始コドンから含んでいるものは見いだせなかった。

【 0 0 9 3 】

パン酵母蛋白質輸送蛋白質 SLY2 は、蛋白質を小胞体からゴルジ装置へ輸送するために必須であり、細胞周期の制御にも関与していることが知られている [

Dascher, C. et al., Mol. Cell. Biol. 11: 872-885 (1991)]。したがって、本発明のcDNAは、本蛋白質の生産や、本蛋白質の異常に起因する病気の診断や治療に用いることができる。

【0094】

<HP10175> (配列番号14、39、64)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10175のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、173bpの5' 非翻訳領域、339bpのORF、462bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは112アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、4箇所の膜貫通ドメインが存在した。図17にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量11,564にほぼ一致する13kDaの翻訳産物が生成した。

【0095】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したが、類似性を有する既知蛋白質はなかった。また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号W52852）が存在したが、不明瞭な配列が多く、本cDNAと同じORFは見いだせなかった。

【0096】

<HP10179> (配列番号15、40、65)

ヒト類表皮癌細胞株KBcDNAライブラリーから得られたクローンHP10179のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、121bpの5' 非翻訳領域、345bpのORF、459bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは114アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、4箇所の膜貫通ドメインが存在した。図18にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量12,078にほぼ一致する14kDaの翻訳産物が生成した。

【0097】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したが、類似性を有する既知蛋白質はなかった。しかし、本発明のcDNAクローンHP10175がコードする蛋白質と類似性を有していた。表10に、HP10179がコードしている蛋白質とHP10175がコードしている蛋白質のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、.は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。両者は、全領域にわたって80.8%の相同性を有していた。

【0098】

【表12】

表10

---

179 MEKPLFPLVPLHWFGFGYTALVSSGGIVGYVKTGSVPSLAAGLLFGSLAGLGAYQLYQDP

..\*\*\*\*\*.\*\*\*.\*\*\*\*.\*\*\*\*.\*\*\*\*\*.\*\*\*\*\*.\*\*\*\*\*.\*\*\*

175 MQDTGSVVPLHWFGFGYAALVASGGIIGYVKAGSVPSLAAGLLFGSLAGLGAYQLSQDP

179 RNVWGFLAATSVTFVGMGRSYYYGKFMPVGLIAGASLLMAAKVGVRMLMTSD

\*\*\*\* \*\* \*\*\* \*.\*.\*\*\*\* \*. \*\*\*\*\*.\*\*\*\*\*.\*\*\*\*\*.\*.

175 RNVWVFL-ATSGTLAGIMGRFYHSGKFMPAGLIAGASLLMVAKVGVSFNRPH

---

【0099】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号N55991）が存在したが、不明瞭な配列が多く、本cDNAと同じORFは見いだせなかった。

【0100】

<HP10196> (配列番号16、41、66)

ヒト繊維肉腫細胞株HT-1080cDNAライブラリーから得られたクローンHP10196のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、9bpの5' 非翻訳領域、984bpのORF、122bpの3' 非翻訳領域からなる

構造を有していた。ORFは327アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に1箇所の膜貫通ドメインが存在した。図19にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。本蛋白質のN末端162アミノ酸残基をコードしているcDNA部分を含むHindIII-BglII(クレノウ処理)断片をpSSD3のHindIII-EcoRV部位に挿入した発現ベクターをCOS7細胞に導入したが、ウロキナーゼの分泌は認められず、本蛋白質は膜に留まっていることが示された。従って、本蛋白質はII型膜蛋白質であると思われる。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量36,163にほぼ一致する37kDaの翻訳産物が生成した。

## 【0101】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したが、高い類似性を有する既知蛋白質はなかった。また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの(例えば、アクセシオン番号T17026)が存在したが、いずれも本cDNAより短く、開始コドンから含んでいるものは見いだせなかった。

## 【0102】

<HP10235>(配列番号17、42、67)

ヒト繊維肉腫細胞株HT-1080cDNAライブラリーから得られたクローンHP10235のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、5bpの5'非翻訳領域、1122bpのORF、594bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは373アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、11箇所の膜貫通ドメインが存在した。図20にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、明瞭なバンドは認められず、高分子量の位置にスミアなバンドが認められた。

## 【0103】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ヒト核小体蛋白質HNP36(EMBLアクセシオン番号X86681)と類似

性を有していた。表11に、本発明のヒト蛋白質（HP）とヒト核小体蛋白質HNP36（NP）のアミノ酸配列の比較を示す。—はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。両者は、全領域にわたって45.3%の相同性を有していた。

【0104】

【表13】

表11

---

HP	MTLCAMLPLLLFTYLNLSFLHQRIPQSVRILGSLVAILLVFLITAILVKVQLDALPFFVIT
HP	MIKIVLINSFGAILQGSLFGLAGLLPASYTAPIMSGQLAGFFASVAMICAIASGSELSE
	* .. .****.*.***** * ..*.. ..*****.***.***. ....
NP	MASVCFINSFSAVLQGSFLGQLGTMPSTYSTLFLSGQLAGIFAALAMLLSMASGVDAET
HP	SAFGYFITACAVIILTIICYLGLPRLEFYRYQQKLEGPGEQE—TKLDLISKGEE—
	**.....*...*.***.***.*.* *** . * . . .** **.*. ...
NP	SALGYFITPYVGILMSIVCYLSLPHLKFARYYLANKSSQAQAQAELETKAELLQSDENGIP
HP	--PRAGKEESGVSV---SNSQPTNESHNIK---AILKNISVLAFSVCFIFTITIGMFPA
	*. . .... ..*.*.. .. * .....* . *... ..***.***.***
NP	SSPQKVALTLDDLLEKEPESEPDEPQKPGKPSVFTVFQKIWLTAALCLVLVFTVTLVSVFPA
HP	VTVEVKSSIAGSSTWERYFIPVSCFLTFNIFDWLGRSLTAVFMWPGKDSRWLPSLVLARL
	.*. *** .....*...* *..*** ***.*****. *.**..*** ** ** *
NP	ITAMVTSS-TSPGKWSQFFNPICCFLLFNIMDWLGRSLTSYFLWPDEDSRLLPLLVLCLRF
HP	VFVPLLLLCNIKPRRYLTVVFEHDAWFIFMAAFASNGYLASLCMCFGPKKVKPAEAE
	*****... ..*..*...* ..**.* ** ** *****.* **..*...* * *
NP	LFVPLFMLCHVPQRSRLPILFPQDAYFITFMLLFAVSNGLVSLTMCLAPRQVLPHEREV
HP	AGAIMAFFLCGLGALGAVFSFLFRAIV
	***.*.*** ***. ** .****.*..
NP	AGALMTFFLALGLSCGASLSFLFKALL

---

【0105】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号R57372）が存在したが、部分配列なので本発明の蛋白質と同じ蛋白質をコードしているかどうかは判定できない。

【0106】

ヒト核小体蛋白質HNP36は、細胞の成長や増殖に際して役割を担っている遺伝子産物としてとして見いだされた[Williams, J. B. & Lahan, A. A., Biochem. Biophys. Res. Commun. 213:325-333 (1995)]。したがって、その類縁体である本発明の蛋白質は、細胞の成長や増殖にとって必須であるハウスキーピング蛋白質であると考えられ、この蛋白質の異常に起因する病気の診断や治療に用いることができる。

【0107】

<HP10297> (配列番号18、43、68)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10297のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、62bpの5' 非翻訳領域、552bpのORF、890bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは183アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端にシグナル配列を、また内部に1箇所の膜貫通ドメインを有していた。従って、本蛋白質はI型膜蛋白質であると思われる。図21にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量20,574にほぼ一致する24kDaの翻訳産物が生成した。

【0108】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したが、類似性を有する既知蛋白質はなかった。また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号R47823）が存在したが、不明瞭な配列が多く、本cDNAと同じORFは見いだせなかった。



## 【0109】

<HP10299> (配列番号19、44、69)

ヒト胃癌cDNAライブラリーから得られたクローンHP10299のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、92bpの5' 非翻訳領域、351bpのORF、89bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは116アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端に1箇所の膜貫通ドメインが存在した。図22にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。本蛋白質のN末端65アミノ酸残基をコードしているcDNA部分を含むHindIII-VspI (クレノウ処理)断片をpSSD3のHindIII-PmaCI部位に挿入した発現ベクターをCOS7細胞に導入したが、ウロキナーゼの分泌は認められず、本蛋白質は膜に留まっていることが示された。従って、本蛋白質はII型膜蛋白質であると思われる。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量12,498にほぼ一致する13kDaの翻訳産物が生成した。

## 【0110】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、パン酵母仮想蛋白質16.5kDa (SWISS-PROTアクセション番号P42834)と類似性を有していた。表12に、本発明のヒト蛋白質(HP)とパン酵母仮想蛋白質16.5kDa(SC)のアミノ酸配列の比較を示す。-はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。両者は、C末端66アミノ酸残基の領域で53.0%の相同性を有していた。

## 【0111】

## 【表14】

表12

HP

MASTVVAVGLTIAAAGFAGRYVLQAMKHMEPQVKQVF

SC MVLPIIIGLGVTMVALSVKSGLNAWTVYKTLSPITIAKLNNIRIENPTAGYRDALKFKSS

HP QSLPKSAFSGGYRGGFEPKMTKREAAALILGVSP---TANKGKIRDAHRRIMLLNHPDK

\*.\*\*\*.\*.\*\*\*.\*\* \*\*\*.\*. .... \*\*.\*.\*\*\*.\*.

SC LIDEELKNRLNQYQGGFAPRMTEPEALLILDISAREINHLDEKLLKKKHKRKAMVRNHPDR

HP GGSPYIAAKINEAKDLLEGQAKK

\*\*\*\*\*.\*\*\*\*\*.\*.

SC GGSPYMAAKINEAKEVLERSVLLRKR

# 【0112】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号R27748）が存在したが、不明瞭な配列が多く、本cDNAと同じORFは見いだせなかった。

# 【0113】

<HP10301>（配列番号20、45、70）

ヒト類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリーから得られたクローンHP10301のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、91bpの5' 非翻訳領域、459bpのORF、112bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは152アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、4箇所の膜貫通ドメインが存在した。図23にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量16,516にほぼ一致する18kDaの翻訳産物が生成した。

# 【0114】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したが、類似性を有する既知蛋白質はなかった。また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号N28828）が存在したが、不明瞭な配列が多く、本cDNAと同じORFは見いだせなかった。

# 【0115】

## &lt;HP10302&gt; (配列番号21、46、71)

ヒト肝臓cDNAライブラリーから得られたクローンHP10302のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、133bpの5'非翻訳領域、1680bpのORF、560bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは559アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、12箇所の膜貫通ドメインが存在した。図24にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、明瞭なバンドは認められず、高分子量の位置にスミアなバンドが認められた。

## 【0116】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したが、類似性を有する既知蛋白質はなかった。また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの(例えば、アクセション番号N72434)が存在したが、いずれも本cDNAより短く、開始コドンから含んでいるものは見いだせなかった。

## 【0117】

## &lt;HP10304&gt; (配列番号22、47、72)

ヒト骨肉腫細胞株U-2 OS cDNAライブラリーから得られたクローンHP10304のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、10bpの5'非翻訳領域、993bpのORF、313bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは330アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、N末端にシグナル配列を、また内部に1箇所の膜貫通ドメインを有していた。従って、本蛋白質はI型膜蛋白質であると思われる。図25にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量36,840にほぼ一致する36kDaの翻訳産物が生成した。

## 【0118】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したが、類似性を有する既知蛋白質はなかった。また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの(

例えば、アクセション番号N26840)が存在したが、本cDNAと同じORFは見いだせなかった。

【0119】

<HP10305> (配列番号23、48、73)

ヒト骨肉腫細胞株U-2 OSCDNAライブラリーから得られたクローンHP10305のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、109bpの5' 非翻訳領域、327bpのORF、457bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは108アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、1箇所の膜貫通ドメインが存在した。図26にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性/親水性プロフィールを示す。本蛋白質のN末端162アミノ酸残基をコードしているcDNA部分を含むHindIII-ApaI (マングベーンヌクレアーゼ処理)断片をpSSD3のHindIII-PmaCI部位に挿入した発現ベクターをCOS7細胞に導入したが、ウロキナーゼの分泌は認められず、本蛋白質は膜に留まっていることが示された。従って、本蛋白質はII型膜蛋白質であると思われる。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量12,199にほぼ一致する15kDaの翻訳産物が生成した。

【0120】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したが、類似性を有する既知蛋白質はなかった。また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの(例えば、アクセション番号H02768)が存在したが、不明瞭な配列が多く、本cDNAと同じORFは見いだせなかった。

【0121】

<HP10306> (配列番号24、49、74)

ヒト骨肉腫細胞株U-2 OSCDNAライブラリーから得られたクローンHP10306のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、229bpの5' 非翻訳領域、306bpのORF、155bpの3' 非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは101アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしてお

り、2箇所の膜貫通ドメインが存在した。図27にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量12,029にほぼ一致する14kDaの翻訳産物が生成した。

#### 【0122】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したが、類似性を有する既知蛋白質はなかった。また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセシオン番号H44711）が存在したが、不明瞭な配列が多く、本cDNAと同じORFは見いだせなかった。

#### 【0123】

<HP10328>（配列番号25、50、75）

ヒト類表皮癌細胞株KB cDNAライブラリーから得られたクローンHP10328のcDNAインサートの全塩基配列を決定したところ、117bpの5'非翻訳領域、1119bpのORF、950bpの3'非翻訳領域からなる構造を有していた。ORFは372アミノ酸残基からなる蛋白質をコードしており、1箇所の膜貫通ドメインが存在した。図28にKyte-Doolittleの方法で求めた本蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す。本蛋白質のN末端129アミノ酸残基をコードしているcDNA部分を含むHindIII-PmaCI断片をpSSD3のHindIII-SmaI部位に挿入した発現ベクターをCOS7細胞に導入したが、ウロキナーゼの分泌は認められず、本蛋白質は膜に留まっていることが示された。従って、本蛋白質はII型膜蛋白質であると思われる。インビトロ翻訳の結果、ORFから予想される分子量42,514にほぼ一致する41kDaの翻訳産物が生成した。

#### 【0124】

本蛋白質のアミノ酸配列を用いてプロテインデータベースを検索したところ、ショウジョウバエ神経性分泌信号蛋白質（GenBankアクセシオン番号U41449）と類似性を有していた。表13に、本発明のヒト蛋白質（HP）とショウジョウバエ神経性分泌信号蛋白質（DM）のアミノ酸配列の比較を示す。一

はギャップを、\*は本発明の蛋白質と同一アミノ酸残基を、. は本発明の蛋白質と類似アミノ酸残基をそれぞれ表す。両者は、中間領域202アミノ酸残基で38.6%の相同性を有していた。

【0125】

【表15】

表13

---

HP MKYLRHRRPNATLILAIGFTLLLFSLVSPPTCKVQEQPPAIPALAWPTPPTRPAPAP

DM MQSKHRKLLLRCLLVPLILLVDYCGLLTHL

HP CHANTSMVTHPDFATQPQHVQNFLLYRHCRHFPLLQDVPPSKCAQPVFLLLVIKSSPSNY

\*\*. \* ..\*\*\*. .\*

DM HELNFERHFHYPLNDDTGSGSASSGLDKFAYLRVPSFTAEPVDQPARLTMLIKSAVGNS

HP VRRELLRRTWGRERKVRGLQLRLLFLVGTASNPEARKVNRLLLELEAQTGHDILQWDFHD

\*\*\* .\*\*\*\*\* \* . ....\*\* .\*\*\*.\*\*\*.... .\*. . . \*...\*\*\*\*\* \*\* \*

DM RRREAIRRTWGYEGRFSDVHLRRVFLLGTAEDS--EKDVAW----ESREHGDILQADFTD

HP SFFNLTQLKQVFLQWQETRCANASFVLNGDDDVFAHTDNMVFYL----QDHDPRHFLVG

..\*\* \*\*\* . \* ..\*.... ....\* \* \*\*\* .. ..\*.. . \* \*.\*\*.\*. \*\*.\*

DM AYFNNTLKTMLGMRWASEQFNRSEFYLFVDDYYVSAKNVLKFLGRGRQSHQPE-LLFAG

HP QLIQNVGPIRAFWSKYVPEVVTQNERYPYPYCGGGFLLSRFTAAALRRAAHVLDIFPID

...\* ...\* \* .\*\*\*.\*\*\*. . .\*.\*\*\* ..\*.\*.\*\*\*. . \* \* . \* .\*.\*\*\*

DM HVFQ-TSPLRHKFSKWYVSLEEYPFDRWPPYVTAGAFILSQKALRQLYAASVHLPLFRFD

HP DVFLGMCLELEGLKPASHSGIRTSGVRAPSQLSSFDPCFYRDLLLVHRFLPYEMLLMWD

\*\*.\*\*\*.

DM DVYLGIVALKAGISLQHCDDFRFHRPAYKGPDSYSSVIASHEFGDPEEMTRVWNECRSAN

HP ALNQPNLTGCGNQTIY

DM YA

---

【0126】

また、本cDNAの塩基配列を用いてGenBankを検索したところ、ESTの中に、90%以上の相同性を有するもの（例えば、アクセション番号R75815）が存在したが、いずれも本cDNAより短く、開始コドンから含んでいるものは見いだせなかった。

【0127】

【発明の効果】

本発明は膜貫通ドメインを有するヒト蛋白質、およびそれをコードしているcDNAを提供する。本発明の蛋白質は、いずれも細胞膜に存在するので、細胞の増殖や分化を制御している蛋白質と考えられる。したがって、本発明の蛋白質は、医薬品として、あるいは該蛋白質に対する抗体を作製するための抗原として用いることができる。本発明のcDNAは、遺伝子診断用プローブや遺伝子治療用遺伝子源として用いることができる。また、該DNAを用いることにより、該蛋白質を大量に発現することができる。これら膜蛋白質遺伝子を導入して膜蛋白質を大量発現させた細胞は、対応するリガンドの検出、新しい低分子医薬のスクリーニングなどに応用できる。

【0128】

【配列表】

配列番号：1

配列の長さ：205

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：繊維肉腫

セルライン：HT-1080

クローン名：HP00442

配列

Met	Thr	Gly	Leu	Ala	Leu	Leu	Tyr	Ser	Gly	Val	Phe	Val	Ala	Phe	Trp
1				5					10					15	
Ala	Cys	Ala	Leu	Ala	Val	Gly	Val	Cys	Tyr	Thr	Ile	Phe	Asp	Leu	Gly
				20				25					30		
Phe	Arg	Phe	Asp	Val	Ala	Trp	Phe	Leu	Thr	Glu	Thr	Ser	Pro	Phe	Met
				35				40					45		
Trp	Ser	Asn	Leu	Gly	Ile	Gly	Leu	Ala	Ile	Ser	Leu	Ser	Val	Val	Gly
				50				55					60		
Ala	Ala	Trp	Gly	Ile	Tyr	Ile	Thr	Gly	Ser	Ser	Ile	Ile	Gly	Gly	Gly
				65				70					75		80
Val	Lys	Ala	Pro	Arg	Ile	Lys	Thr	Lys	Asn	Leu	Val	Ser	Ile	Ile	Phe
								85					90		95
Cys	Glu	Ala	Val	Ala	Ile	Tyr	Gly	Ile	Ile	Met	Ala	Ile	Val	Ile	Ser
								100					105		110
Asn	Met	Ala	Glu	Pro	Phe	Ser	Ala	Thr	Asp	Pro	Lys	Ala	Ile	Gly	His
								115					120		125
Arg	Asn	Tyr	His	Ala	Gly	Tyr	Ser	Met	Phe	Gly	Ala	Gly	Leu	Thr	Val
								130					135		140
Gly	Leu	Ser	Asn	Leu	Phe	Cys	Gly	Val	Cys	Val	Gly	Ile	Val	Gly	Ser
								145					150		155
Gly	Ala	Ala	Leu	Ala	Asp	Ala	Gln	Asn	Pro	Ser	Leu	Phe	Val	Lys	Ile
								165					170		175
Leu	Ile	Val	Glu	Ile	Phe	Gly	Ser	Ala	Ile	Gly	Leu	Phe	Gly	Val	Ile
								180					185		190
Val	Ala	Ile	Leu	Gln	Thr	Ser	Arg	Val	Lys	Met	Gly	Asp			
								195					200		205

【0129】

配列番号：2



配列の長さ：371

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：白血球

クローン名：HP00804

配列

Met	Ser	His	Glu	Lys	Ser	Phe	Leu	Val	Ser	Gly	Asp	Asn	Tyr	Pro	Pro
1				5					10					15	
Pro	Asn	Pro	Gly	Tyr	Pro	Gly	Gly	Pro	Gln	Pro	Pro	Met	Pro	Pro	Tyr
			20					25						30	
Ala	Gln	Pro	Pro	Tyr	Pro	Gly	Ala	Pro	Tyr	Pro	Gln	Pro	Pro	Phe	Gln
			35					40						45	
Pro	Ser	Pro	Tyr	Gly	Gln	Pro	Gly	Tyr	Pro	His	Gly	Pro	Ser	Pro	Tyr
			50					55						60	
Pro	Gln	Gly	Gly	Tyr	Pro	Gln	Gly	Pro	Tyr	Pro	Gln	Gly	Gly	Tyr	Pro
			65					70						75	
Gln	Gly	Pro	Tyr	Pro	Gln	Glu	Gly	Tyr	Pro	Gln	Gly	Pro	Tyr	Pro	Gln
					85					90				95	
Gly	Gly	Tyr	Pro	Gln	Gly	Pro	Tyr	Pro	Gln	Ser	Pro	Phe	Pro	Pro	Asn
						100				105				110	
Pro	Tyr	Gly	Gln	Pro	Gln	Val	Phe	Pro	Gly	Gln	Asp	Pro	Asp	Ser	Pro
			115					120						125	
Gln	His	Gly	Asn	Tyr	Gln	Glu	Glu	Gly	Pro	Pro	Ser	Tyr	Tyr	Asp	Asn
			130					135						140	
Gln	Asp	Phe	Pro	Ala	Thr	Asn	Trp	Asp	Asp	Lys	Ser	Ile	Arg	Gln	Ala

145	150	155	160
Phe Ile Arg Lys Val Phe Leu Val Leu Thr Leu Gln Leu Ser Val Thr			
165	170	175	
Leu Ser Thr Val Ser Val Phe Thr Phe Val Ala Glu Val Lys Gly Phe			
180	185	190	
Val Arg Glu Asn Val Trp Thr Tyr Tyr Val Ser Tyr Ala Val Phe Phe			
195	200	205	
Ile Ser Leu Ile Val Leu Ser Cys Cys Gly Asp Phe Arg Arg Lys His			
210	215	220	
Pro Trp Asn Leu Val Ala Leu Ser Val Leu Thr Ala Ser Leu Ser Tyr			
225	230	235	240
Met Val Gly Met Ile Ala Ser Phe Tyr Asn Thr Glu Ala Val Ile Met			
245	250	255	
Ala Val Gly Ile Thr Thr Ala Val Cys Phe Thr Val Val Ile Phe Ser			
260	265	270	
Met Gln Thr Arg Tyr Asp Phe Thr Ser Cys Met Gly Val Leu Leu Val			
275	280	285	
Ser Met Val Val Leu Phe Ile Phe Ala Ile Leu Cys Ile Phe Ile Arg			
290	295	300	
Asn Arg Ile Leu Glu Ile Val Tyr Ala Ser Leu Gly Ala Leu Leu Phe			
305	310	315	320
Thr Cys Phe Leu Ala Val Asp Thr Gln Leu Leu Leu Gly Asn Lys Gln			
325	330	335	
Leu Ser Leu Ser Pro Glu Glu Tyr Val Phe Ala Ala Leu Asn Leu Tyr			
340	345	350	
Thr Asp Ile Ile Asn Ile Phe Leu Tyr Ile Leu Thr Ile Ile Gly Arg			
355	360	365	
Ala Lys Glu			
370			

特平 8-301429

【0130】

配列番号：3

配列の長さ：179

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP01098

配列

Met	Leu	Ser	Leu	Asp	Phe	Leu	Asp	Asp	Val	Arg	Arg	Met	Asn	Lys	Arg	
1				5					10						15	
Gln	Leu	Tyr	Tyr	Gln	Val	Leu	Asn	Phe	Gly	Met	Ile	Val	Ser	Ser	Ala	
				20					25						30	
Leu	Met	Ile	Trp	Lys	Gly	Leu	Met	Val	Ile	Thr	Gly	Ser	Glu	Ser	Pro	
				35					40						45	
Ile	Val	Val	Val	Leu	Ser	Gly	Ser	Met	Glu	Pro	Ala	Phe	His	Arg	Gly	
				50					55						60	
Asp	Leu	Leu	Phe	Leu	Thr	Asn	Arg	Val	Glu	Asp	Pro	Ile	Arg	Val	Gly	
				65					70						75	80
Glu	Ile	Val	Val	Phe	Arg	Ile	Glu	Gly	Arg	Glu	Ile	Pro	Ile	Val	His	
				85					90						95	
Arg	Val	Leu	Lys	Ile	His	Glu	Lys	Gln	Asn	Gly	His	Ile	Lys	Phe	Leu	
				100					105						110	
Thr	Lys	Gly	Asp	Asn	Asn	Ala	Val	Asp	Asp	Arg	Gly	Leu	Tyr	Lys	Gln	
				115					120						125	

Gly Gln His Trp Leu Glu Lys Lys Asp Val Val Gly Arg Ala Arg Gly  
 130 135 140  
 Phe Val Pro Tyr Ile Gly Ile Val Thr Ile Leu Met Asn Asp Tyr Pro  
 145 150 155 160  
 Lys Phe Lys Tyr Ala Val Leu Phe Leu Leu Gly Leu Phe Val Leu Val  
 165 170 175

His Arg Glu

【0131】

配列番号：4

配列の長さ：347

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP01148

配列

Met Ala Leu Leu Phe Ser Leu Ile Leu Ala Ile Cys Thr Arg Pro Gly  
 1 5 10 15  
 Phe Leu Ala Ser Pro Ser Gly Val Arg Leu Val Gly Gly Leu His Arg  
 20 25 30  
 Cys Glu Gly Arg Val Glu Val Glu Gln Lys Gly Gln Trp Gly Thr Val  
 35 40 45  
 Cys Asp Asp Gly Trp Asp Ile Lys Asp Val Ala Val Leu Cys Arg Glu  
 50 55 60  
 Leu Gly Cys Gly Ala Ala Ser Gly Thr Pro Ser Gly Ile Leu Tyr Glu  
 65 70 75 80

Pro	Pro	Ala	Glu	Lys	Glu	Gln	Lys	Val	Leu	Ile	Gln	Ser	Val	Ser	Cys
				85					90					95	
Thr	Gly	Thr	Glu	Asp	Thr	Leu	Ala	Gln	Cys	Glu	Gln	Glu	Glu	Val	Tyr
				100				105						110	
Asp	Cys	Ser	His	Glu	Glu	Asp	Ala	Gly	Ala	Ser	Cys	Glu	Asn	Pro	Glu
				115				120						125	
Ser	Ser	Phe	Ser	Pro	Val	Pro	Glu	Gly	Val	Arg	Leu	Ala	Asp	Gly	Pro
				130				135						140	
Gly	His	Cys	Lys	Gly	Arg	Val	Glu	Val	Lys	His	Gln	Asn	Gln	Trp	Tyr
				145				150						155	
Thr	Val	Cys	Gln	Thr	Gly	Trp	Ser	Leu	Arg	Ala	Ala	Lys	Val	Val	Cys
								165						170	
Arg	Gln	Leu	Gly	Cys	Gly	Arg	Ala	Val	Leu	Thr	Gln	Lys	Arg	Cys	Asn
				180										185	
Lys	His	Ala	Tyr	Gly	Arg	Lys	Pro	Ile	Trp	Leu	Ser	Gln	Met	Ser	Cys
				195				200						205	
Ser	Gly	Arg	Glu	Ala	Thr	Leu	Gln	Asp	Cys	Pro	Ser	Gly	Pro	Trp	Gly
				210				215						220	
Lys	Asn	Thr	Cys	Asn	His	Asp	Glu	Asp	Thr	Trp	Val	Glu	Cys	Glu	Asp
				225				230						235	
Pro	Phe	Asp	Leu	Arg	Leu	Val	Gly	Gly	Asp	Asn	Leu	Cys	Ser	Gly	Arg
								245						250	
Leu	Glu	Val	Leu	His	Lys	Gly	Val	Trp	Gly	Ser	Val	Cys	Asp	Asp	Asn
				260										265	
Trp	Gly	Glu	Lys	Glu	Asp	Gln	Val	Val	Cys	Lys	Gln	Leu	Gly	Cys	Gly
				275										280	
Lys	Ser	Leu	Ser	Pro	Ser	Phe	Arg	Asp	Arg	Lys	Cys	Tyr	Gly	Pro	Gly
				290										295	
Val	Gly	Arg	Ile	Trp	Leu	Asp	Asn	Val	Arg	Cys	Ser	Gly	Glu	Glu	Gln

305                      310                      315                      320  
 Ser Leu Glu Gln Cys Gln His Arg Phe Trp Gly Phe His Asp Cys Thr  
                          325                      330                      335  
 His Gln Glu Asp Val Ala Val Ile Cys Ser Gly  
                          340                      345

【0132】

配列番号：5

配列の長さ：554

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP01293

配列

Met Pro Thr Val Asp Asp Ile Leu Glu Gln Val Gly Glu Ser Gly Trp  
   1                      5                      10                      15  
 Phe Gln Lys Gln Ala Phe Leu Ile Leu Cys Leu Leu Ser Ala Ala Phe  
                          20                      25                      30  
 Ala Pro Ile Cys Val Gly Ile Val Phe Leu Gly Phe Thr Pro Asp His  
                          35                      40                      45  
 His Cys Gln Ser Pro Gly Val Ala Glu Leu Ser Gln Arg Cys Gly Trp  
                          50                      55                      60  
 Ser Pro Ala Glu Glu Leu Asn Tyr Thr Val Pro Gly Leu Gly Pro Ala  
                          65                      70                      75                      80  
 Gly Glu Ala Phe Leu Gly Gln Cys Arg Arg Tyr Glu Val Asp Trp Asn  
                          85                      90                      95

特平 8-301429

Gln Ser Ala Leu Ser Cys Val Asp Pro Leu Ala Ser Leu Ala Thr Asn  
100 105 110  
Arg Ser His Leu Pro Leu Gly Pro Cys Gln Asp Gly Trp Val Tyr Asp  
115 120 125  
Thr Pro Gly Ser Ser Ile Val Thr Glu Phe Asn Leu Val Cys Ala Asp  
130 135 140  
Ser Trp Lys Leu Asp Leu Phe Gln Ser Cys Leu Asn Ala Gly Phe Phe  
145 150 155 160  
Phe Gly Ser Leu Gly Val Gly Tyr Phe Ala Asp Arg Phe Gly Arg Lys  
165 170 175  
Leu Cys Leu Leu Gly Thr Val Leu Val Asn Ala Val Ser Gly Val Leu  
180 185 190  
Met Ala Phe Ser Pro Asn Tyr Met Ser Met Leu Leu Phe Arg Leu Leu  
195 200 205  
Gln Gly Leu Val Ser Lys Gly Asn Trp Met Ala Gly Tyr Thr Leu Ile  
210 215 220  
Thr Glu Phe Val Gly Ser Gly Ser Arg Arg Thr Val Ala Ile Met Tyr  
225 230 235 240  
Gln Met Ala Phe Thr Val Gly Leu Val Ala Leu Thr Gly Leu Ala Tyr  
245 250 255  
Ala Leu Pro His Trp Arg Trp Leu Gln Leu Ala Val Ser Leu Pro Thr  
260 265 270  
Phe Leu Phe Leu Leu Tyr Tyr Trp Cys Val Pro Glu Ser Pro Arg Trp  
275 280 285  
Leu Leu Ser Gln Lys Arg Asn Thr Glu Ala Ile Lys Ile Met Asp His  
290 295 300  
Ile Ala Gln Lys Asn Gly Lys Leu Pro Pro Ala Asp Leu Lys Met Leu  
305 310 315 320  
Ser Leu Glu Glu Asp Val Thr Glu Lys Leu Ser Pro Ser Phe Ala Asp

325	330	335	
Leu Phe Arg Thr Pro Arg Leu Arg Lys Arg Thr Phe Ile Leu Met Tyr			
340	345	350	
Leu Trp Phe Thr Asp Ser Val Leu Tyr Gln Gly Leu Ile Leu His Met			
355	360	365	
Gly Ala Thr Ser Gly Asn Leu Tyr Leu Asp Phe Leu Tyr Ser Ala Leu			
370	375	380	
Val Glu Ile Pro Gly Ala Phe Ile Ala Leu Ile Thr Ile Asp Arg Val			
385	390	395	400
Gly Arg Ile Tyr Pro Met Ala Val Ser Asn Leu Leu Ala Gly Ala Ala			
405	410	415	
Cys Leu Val Met Ile Phe Ile Ser Pro Asp Leu His Trp Leu Asn Ile			
420	425	430	
Ile Ile Met Cys Val Gly Arg Met Gly Ile Thr Ile Ala Ile Gln Met			
435	440	445	
Ile Cys Leu Val Asn Ala Glu Leu Tyr Pro Thr Phe Val Arg Asn Leu			
450	455	460	
Gly Val Met Val Cys Ser Ser Leu Cys Asp Ile Gly Gly Ile Ile Thr			
465	470	475	480
Pro Phe Ile Val Phe Arg Leu Arg Glu Val Trp Gln Ala Leu Pro Leu			
485	490	495	
Ile Leu Phe Ala Val Leu Gly Leu Leu Ala Ala Gly Val Thr Leu Leu			
500	505	510	
Leu Pro Glu Thr Lys Gly Val Ala Leu Pro Glu Thr Met Lys Asp Ala			
515	520	525	
Glu Asn Leu Gly Arg Lys Ala Lys Pro Lys Glu Asn Thr Ile Tyr Leu			
530	535	540	
Lys Val Gln Thr Ser Glu Pro Ser Gly Thr			
545	550		



【0133】

配列番号：6

配列の長さ：350

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：類表皮癌

セルライン：KB

クローン名：HP10013

配列

Met	Ala	Val	Phe	Val	Val	Leu	Leu	Ala	Leu	Val	Ala	Gly	Val	Leu	Gly
1				5					10					15	
Asn	Glu	Phe	Ser	Ile	Leu	Lys	Ser	Pro	Gly	Ser	Val	Val	Phe	Arg	Asn
				20					25					30	
Gly	Asn	Trp	Pro	Ile	Pro	Gly	Glu	Arg	Ile	Pro	Asp	Val	Ala	Ala	Leu
				35				40						45	
Ser	Met	Gly	Phe	Ser	Val	Lys	Glu	Asp	Leu	Ser	Trp	Pro	Gly	Leu	Ala
				50				55						60	
Val	Gly	Asn	Leu	Phe	His	Arg	Pro	Arg	Ala	Thr	Val	Met	Val	Met	Val
				65				70						75	
Lys	Gly	Val	Asn	Lys	Leu	Ala	Leu	Pro	Pro	Gly	Ser	Val	Ile	Ser	Tyr
				85				90						95	
Pro	Leu	Glu	Asn	Ala	Val	Pro	Phe	Ser	Leu	Asp	Ser	Val	Ala	Asn	Ser
				100				105						110	
Ile	His	Ser	Leu	Phe	Ser	Glu	Glu	Thr	Pro	Val	Val	Leu	Gln	Leu	Ala
				115				120						125	

Pro Ser Glu Glu Arg Val Tyr Met Val Gly Lys Ala Asn Ser Val Phe  
 130 135 140  
 Glu Asp Leu Ser Val Thr Leu Arg Gln Leu Arg Asn Arg Leu Phe Gln  
 145 150 155 160  
 Glu Asn Ser Val Leu Ser Ser Leu Pro Leu Asn Ser Leu Ser Arg Asn  
 165 170 175  
 Asn Glu Val Asp Leu Leu Phe Leu Ser Glu Leu Gln Val Leu His Asp  
 180 185 190  
 Ile Ser Ser Leu Leu Ser Arg His Lys His Leu Ala Lys Asp His Ser  
 195 200 205  
 Pro Asp Leu Tyr Ser Leu Glu Leu Ala Gly Leu Asp Glu Ile Gly Lys  
 210 215 220  
 Arg Tyr Gly Glu Asp Ser Glu Gln Phe Arg Asp Ala Ser Lys Ile Leu  
 225 230 235 240  
 Val Asp Ala Leu Gln Lys Phe Ala Asp Asp Met Tyr Ser Leu Tyr Gly  
 245 250 255  
 Gly Asn Ala Val Val Glu Leu Val Thr Val Lys Ser Phe Asp Thr Ser  
 260 265 270  
 Leu Ile Arg Lys Thr Arg Thr Ile Leu Glu Ala Lys Gln Ala Lys Asn  
 275 280 285  
 Pro Ala Ser Pro Tyr Asn Leu Ala Tyr Lys Tyr Asn Phe Glu Tyr Ser  
 290 295 300  
 Val Val Phe Asn Met Val Leu Trp Ile Met Ile Ala Leu Ala Leu Ala  
 305 310 315 320  
 Val Ile Ile Thr Ser Tyr Asn Ile Trp Asn Met Asp Pro Gly Tyr Asp  
 325 330 335  
 Ser Ile Ile Tyr Arg Met Thr Asn Gln Lys Ile Arg Met Asp  
 340 345 350

【0134】

特平 8-301429

配列番号: 7

配列の長さ: 209

配列の型: アミノ酸

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: 蛋白質

ハイボセティカル: No

起源:

生物名: ホモ=サピエンス

細胞の種類: 繊維肉腫

セルライン: HT-1080

クローン名: HP10034

配列

Met Val Ser Ser Pro Cys Thr Gln Ala Ser Ser Arg Thr Cys Ser Arg  
1 5 10 15  
Ile Leu Gly Leu Ser Leu Gly Thr Ala Ala Leu Phe Ala Ala Gly Ala  
20 25 30  
Asn Val Ala Leu Leu Leu Pro Asn Trp Asp Val Thr Tyr Leu Leu Arg  
35 40 45  
Gly Leu Leu Gly Arg His Ala Met Leu Gly Thr Gly Leu Trp Gly Gly  
50 55 60  
Gly Leu Met Val Leu Thr Ala Ala Ile Leu Ile Ser Leu Met Gly Trp  
65 70 75 80  
Arg Tyr Gly Cys Phe Ser Lys Ser Gly Leu Cys Arg Ser Val Leu Thr  
85 90 95  
Ala Leu Leu Ser Gly Gly Leu Ala Leu Leu Gly Ala Leu Ile Cys Phe  
100 105 110  
Val Thr Ser Gly Val Ala Leu Lys Asp Gly Pro Phe Cys Met Phe Asp  
115 120 125  
Val Ser Ser Phe Asn Gln Thr Gln Ala Trp Lys Tyr Gly Tyr Pro Phe

特平 8-301429

130	135	140	
Lys Asp Leu His Ser Arg Asn Tyr Leu Tyr Asp Arg Ser Leu Trp Asn			
145	150	155	160
Ser Val Cys Leu Glu Pro Ser Ala Ala Val Val Trp His Val Ser Leu			
	165	170	175
Phe Ser Ala Leu Leu Cys Ile Ser Leu Leu Gln Leu Leu Leu Val Val			
	180	185	190
Val His Val Ile Asn Ser Leu Leu Gly Leu Phe Cys Ser Leu Cys Glu			
	195	200	205

Lys

【0135】

配列番号：8

配列の長さ：163

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：繊維肉腫

セルライン：HT-1080

クローン名：HP10050

配列

Met Ala Ala Gly Leu Phe Gly Leu Ser Ala Arg Arg Leu Leu Ala Ala			
1	5	10	15
Ala Ala Thr Arg Gly Leu Pro Ala Ala Arg Val Arg Trp Glu Ser Ser			
	20	25	30
Phe Ser Arg Thr Val Val Ala Pro Ser Ala Val Ala Gly Lys Arg Pro			
	35	40	45

特平 8-301429

Pro Glu Pro Thr Thr Pro Trp Gln Glu Asp Pro Glu Pro Glu Asp Glu  
50 55 60  
Asn Leu Tyr Glu Lys Asn Pro Asp Ser His Gly Tyr Asp Lys Asp Pro  
65 70 75 80  
Val Leu Asp Val Trp Asn Met Arg Leu Val Phe Phe Phe Gly Val Ser  
85 90 95  
Ile Ile Leu Val Leu Gly Ser Thr Phe Val Ala Tyr Leu Pro Asp Tyr  
100 105 110  
Arg Cys Thr Gly Cys Pro Arg Ala Trp Asp Gly Met Lys Glu Trp Ser  
115 120 125  
Arg Arg Glu Ala Glu Arg Leu Val Lys Tyr Arg Glu Ala Asn Gly Leu  
130 135 140  
Pro Ile Met Glu Ser Asn Cys Phe Asp Pro Ser Lys Ile Gln Leu Pro  
145 150 155 160  
Glu Asp Glu

【0136】

配列番号：9

配列の長さ：92

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10071

配列

Met Thr Lys Leu Ala Gln Trp Leu Trp Gly Leu Ala Ile Leu Gly Ser  
1 5 10 15

特平 8-301429

Thr Trp Val Ala Leu Thr Thr Gly Ala Leu Gly Leu Glu Leu Pro Leu  
20 25 30  
Ser Cys Gln Glu Val Leu Trp Pro Leu Pro Ala Tyr Leu Leu Val Ser  
35 40 45  
Ala Gly Cys Tyr Ala Leu Gly Thr Val Gly Tyr Arg Val Ala Thr Phe  
50 55 60  
His Asp Cys Glu Asp Ala Ala Arg Glu Leu Gln Ser Gln Ile Gln Glu  
65 70 75 80  
Ala Arg Ala Asp Leu Ala Arg Arg Gly Leu Arg Phe  
85 90

【0137】

配列番号：10

配列の長さ：172

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：リンホーマ

セルライン：U937

クローン名：HP10076

配列

Met Glu Tyr Leu Ala His Pro Ser Thr Leu Gly Leu Ala Val Gly Val  
1 5 10 15  
Ala Cys Gly Met Cys Leu Gly Trp Ser Leu Arg Val Cys Phe Gly Met  
20 25 30  
Leu Pro Lys Ser Lys Thr Ser Lys Thr His Thr Asp Thr Glu Ser Glu  
35 40 45

特平 8-301429

Ala Ser Ile Leu Gly Asp Ser Gly Glu Tyr Lys Met Ile Leu Val Val  
50 55 60  
Arg Asn Asp Leu Lys Met Gly Lys Gly Lys Val Ala Ala Gln Cys Ser  
65 70 75 80  
His Ala Ala Val Ser Ala Tyr Lys Gln Ile Gln Arg Arg Asn Pro Glu  
85 90 95  
Met Leu Lys Gln Trp Glu Tyr Cys Gly Gln Pro Lys Val Val Val Lys  
100 105 110  
Ala Pro Asp Glu Glu Thr Leu Ile Ala Leu Leu Ala His Ala Lys Met  
115 120 125  
Leu Gly Leu Thr Val Ser Leu Ile Gln Asp Ala Gly Arg Thr Gln Ile  
130 135 140  
Ala Pro Gly Ser Gln Thr Val Leu Gly Ile Gly Pro Gly Pro Ala Asp  
145 150 155 160  
Leu Ile Asp Lys Val Thr Gly His Leu Lys Leu Tyr  
165 170

【0138】

配列番号：11

配列の長さ：149

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：リンホーマ

セルライン：U937

クローン名：HP10085

配列

Met Met Thr Lys His Lys Lys Cys Phe Ile Ile Val Gly Val Leu Ile  
 1 5 10 15  
 Thr Thr Asn Ile Ile Thr Leu Ile Val Lys Leu Thr Arg Asp Ser Gln  
 20 25 30  
 Ser Leu Cys Pro Tyr Asp Trp Ile Gly Phe Gln Asn Lys Cys Tyr Tyr  
 35 40 45  
 Phe Ser Lys Glu Glu Gly Asp Trp Asn Ser Ser Lys Tyr Asn Cys Ser  
 50 55 60  
 Thr Gln His Ala Asp Leu Thr Ile Ile Asp Asn Ile Glu Glu Met Asn  
 65 70 75 80  
 Phe Leu Arg Arg Tyr Lys Cys Ser Ser Asp His Trp Ile Gly Leu Lys  
 85 90 95  
 Met Ala Lys Asn Arg Thr Gly Gln Trp Val Asp Gly Ala Thr Phe Thr  
 100 105 110  
 Lys Ser Phe Gly Met Arg Gly Ser Glu Gly Cys Ala Tyr Leu Ser Asp  
 115 120 125  
 Asp Gly Ala Ala Thr Ala Arg Cys Tyr Thr Glu Arg Lys Trp Ile Cys  
 130 135 140  
 Arg Lys Arg Ile His

145

【0139】

配列番号：12

配列の長さ：188

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス



特平 8-301429

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10122

配列

Met Ser Thr Met Phe Ala Asp Thr Leu Leu Ile Val Phe Ile Ser Val  
1 5 10 15  
Cys Thr Ala Leu Leu Ala Glu Gly Ile Thr Trp Val Leu Val Tyr Arg  
20 25 30  
Thr Asp Lys Tyr Lys Arg Leu Lys Ala Glu Val Glu Lys Gln Ser Lys  
35 40 45  
Lys Leu Glu Lys Lys Lys Glu Thr Ile Thr Glu Ser Ala Gly Arg Gln  
50 55 60  
Gln Lys Lys Lys Ile Glu Arg Gln Glu Glu Lys Leu Lys Asn Asn Asn  
65 70 75 80  
Arg Asp Leu Ser Met Val Arg Met Lys Ser Met Phe Ala Ile Gly Phe  
85 90 95  
Cys Phe Thr Ala Leu Met Gly Met Phe Asn Ser Ile Phe Asp Gly Arg  
100 105 110  
Val Val Ala Lys Leu Pro Phe Thr Pro Leu Ser Tyr Ile Gln Gly Leu  
115 120 125  
Ser His Arg Asn Leu Leu Gly Asp Asp Thr Thr Asp Cys Ser Phe Ile  
130 135 140  
Phe Leu Tyr Ile Leu Cys Thr Met Ser Ile Arg Gln Asn Ile Gln Lys  
145 150 155 160  
Ile Leu Gly Leu Ala Pro Ser Arg Ala Ala Thr Lys Gln Ala Gly Gly  
165 170 175  
Phe Leu Gly Pro Pro Pro Pro Ser Gly Lys Phe Ser  
180 185

【0140】

配列番号：13

特平 8-301429

配列の長さ: 215

配列の型: アミノ酸

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: 蛋白質

ハイボセティカル: No

起源:

生物名: ホモ=サピエンス

細胞の種類: リンホーマ

セルライン: U937

クローン名: HP10136

配列

Met Val Leu Leu Thr Met Ile Ala Arg Val Ala Asp Gly Leu Pro Leu  
1 5 10 15  
Ala Ala Ser Met Gln Glu Asp Glu Gln Ser Gly Arg Asp Leu Gln Gln  
20 25 30  
Tyr Gln Ser Gln Ala Lys Gln Leu Phe Arg Lys Leu Asn Glu Gln Ser  
35 40 45  
Pro Thr Arg Cys Thr Leu Glu Ala Gly Ala Met Thr Phe His Tyr Ile  
50 55 60  
Ile Glu Gln Gly Val Cys Tyr Leu Val Leu Cys Glu Ala Ala Phe Pro  
65 70 75 80  
Lys Lys Leu Ala Phe Ala Tyr Leu Glu Asp Leu His Ser Glu Phe Asp  
85 90 95  
Glu Gln His Gly Lys Lys Val Pro Thr Val Ser Arg Pro Tyr Ser Phe  
100 105 110  
Ile Glu Phe Asp Thr Phe Ile Gln Lys Thr Lys Lys Leu Tyr Ile Asp  
115 120 125  
Ser Arg Ala Arg Arg Asn Leu Gly Ser Ile Asn Thr Glu Leu Gln Asp  
130 135 140

特平 8-301429

Val Gln Arg Ile Met Val Ala Asn Ile Glu Glu Val Leu Gln Arg Gly  
145 150 155 160  
Glu Ala Leu Ser Ala Leu Asp Ser Lys Ala Asn Asn Leu Ser Ser Leu  
165 170 175  
Ser Lys Lys Tyr Arg Gln Asp Ala Lys Tyr Leu Asn Met Arg Ser Thr  
180 185 190  
Tyr Ala Lys Leu Ala Ala Val Ala Val Phe Phe Ile Met Leu Ile Val  
195 200 205  
Tyr Val Arg Phe Trp Trp Leu  
210 215

【0141】

配列番号：14

配列の長さ：112

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモサピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10175

配列

Met Gln Asp Thr Gly Ser Val Val Pro Leu His Trp Phe Gly Phe Gly  
1 5 10 15  
Tyr Ala Ala Leu Val Ala Ser Gly Gly Ile Ile Gly Tyr Val Lys Ala  
20 25 30  
Gly Ser Val Pro Ser Leu Ala Ala Gly Leu Leu Phe Gly Ser Leu Ala  
35 40 45  
Gly Leu Gly Ala Tyr Gln Leu Ser Gln Asp Pro Arg Asn Val Trp Val

特平 8-301429

50	55	60
Phe Leu Ala Thr Ser Gly Thr Leu Ala Gly Ile Met Gly Met Arg Phe		
65	70	75
Tyr His Ser Gly Lys Phe Met Pro Ala Gly Leu Ile Ala Gly Ala Ser		80
	85	90
Leu Leu Met Val Ala Lys Val Gly Val Ser Met Phe Asn Arg Pro His		95
100	105	110

【0142】

配列番号：15

配列の長さ：114

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：類表皮癌

セルライン：KB

クローン名：HP10179

配列

Met Glu Lys Pro Leu Phe Pro Leu Val Pro Leu His Trp Phe Gly Phe			
1	5	10	15
Gly Tyr Thr Ala Leu Val Val Ser Gly Gly Ile Val Gly Tyr Val Lys			
	20	25	30
Thr Gly Ser Val Pro Ser Leu Ala Ala Gly Leu Leu Phe Gly Ser Leu			
	35	40	45
Ala Gly Leu Gly Ala Tyr Gln Leu Tyr Gln Asp Pro Arg Asn Val Trp			
50	55	60	
Gly Phe Leu Ala Ala Thr Ser Val Thr Phe Val Gly Val Met Gly Met			

特平 8-301429

65                      70                      75                      80  
Arg Ser Tyr Tyr Tyr Gly Lys Phe Met Pro Val Gly Leu Ile Ala Gly  
                         85                      90                      95  
Ala Ser Leu Leu Met Ala Ala Lys Val Gly Val Arg Met Leu Met Thr  
                         100                      105                      110

Ser Asp

【0143】

配列番号：16

配列の長さ：327

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：繊維肉腫

セルライン：HT-1080

クローン名：HP10196

配列

Met Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Thr Asn Gly Thr Gly Gly  
1                      5                      10                      15  
Ser Ser Gly Met Glu Val Asp Ala Ala Val Val Pro Ser Val Met Ala  
                         20                      25                      30  
Cys Gly Val Thr Gly Ser Val Ser Val Ala Leu His Pro Leu Val Ile  
                         35                      40                      45  
Leu Asn Ile Ser Asp His Trp Ile Arg Met Arg Ser Gln Glu Gly Arg  
                         50                      55                      60  
Pro Val Gln Val Ile Gly Ala Leu Ile Gly Lys Gln Glu Gly Arg Asn  
65                      70                      75                      80

Ile Glu Val Met Asn Ser Phe Glu Leu Leu Ser His Thr Val Glu Glu			
	85	90	95
Lys Ile Ile Ile Asp Lys Glu Tyr Tyr Tyr Thr Lys Glu Glu Gln Phe			
	100	105	110
Lys Gln Val Phe Lys Glu Leu Glu Phe Leu Gly Trp Tyr Thr Thr Gly			
	115	120	125
Gly Pro Pro Asp Pro Ser Asp Ile His Val His Lys Gln Val Cys Glu			
	130	135	140
Ile Ile Glu Ser Pro Leu Phe Leu Lys Leu Asn Pro Met Thr Lys His			
	145	150	155
Thr Asp Leu Pro Val Ser Val Phe Glu Ser Val Ile Asp Ile Ile Asn			
	165	170	175
Gly Glu Ala Thr Met Leu Phe Ala Glu Leu Thr Tyr Thr Leu Ala Thr			
	180	185	190
Glu Glu Ala Glu Arg Ile Gly Val Asp His Val Ala Arg Met Thr Ala			
	195	200	205
Thr Gly Ser Gly Glu Asn Ser Thr Val Ala Glu His Leu Ile Ala Gln			
	210	215	220
His Ser Ala Ile Lys Met Leu His Ser Arg Val Lys Leu Ile Leu Glu			
	225	230	235
Tyr Val Lys Ala Ser Glu Ala Gly Glu Val Pro Phe Asn His Glu Ile			
	245	250	255
Leu Arg Glu Ala Tyr Ala Leu Cys His Cys Leu Pro Val Leu Ser Thr			
	260	265	270
Asp Lys Phe Lys Thr Asp Phe Tyr Asp Gln Cys Asn Asp Val Gly Leu			
	275	280	285
Met Ala Tyr Leu Gly Thr Ile Thr Lys Thr Cys Asn Thr Met Asn Gln			
	290	295	300
Phe Val Asn Lys Phe Asn Val Leu Tyr Asp Arg Gln Gly Ile Gly Arg			

305                      310                      315                      320  
Arg Met Arg Gly Leu Phe Phe

325

【0144】

配列番号：17

配列の長さ：373

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：繊維肉腫

セルライン：HT-1080

クローン名：HP10235

配列

Met Thr Leu Cys Ala Met Leu Pro Leu Leu Leu Phe Thr Tyr Leu Asn

1                      5                      10                      15

Ser Phe Leu His Gln Arg Ile Pro Gln Ser Val Arg Ile Leu Gly Ser

20                      25                      30

Leu Val Ala Ile Leu Leu Val Phe Leu Ile Thr Ala Ile Leu Val Lys

35                      40                      45

Val Gln Leu Asp Ala Leu Pro Phe Phe Val Ile Thr Met Ile Lys Ile

50                      55                      60

Val Leu Ile Asn Ser Phe Gly Ala Ile Leu Gln Gly Ser Leu Phe Gly

65                      70                      75                      80

Leu Ala Gly Leu Leu Pro Ala Ser Tyr Thr Ala Pro Ile Met Ser Gly

85                      90                      95

Gln Gly Leu Ala Gly Phe Phe Ala Ser Val Ala Met Ile Cys Ala Ile





100	105	110
Ala Ser Gly Ser Glu Leu Ser Glu Ser Ala Phe Gly Tyr Phe Ile Thr		
115	120	125
Ala Cys Ala Val Ile Ile Leu Thr Ile Ile Cys Tyr Leu Gly Leu Pro		
130	135	140
Arg Leu Glu Phe Tyr Arg Tyr Tyr Gln Gln Leu Lys Leu Glu Gly Pro		
145	150	155
Gly Glu Gln Glu Thr Lys Leu Asp Leu Ile Ser Lys Gly Glu Glu Pro		
165	170	175
Arg Ala Gly Lys Glu Glu Ser Gly Val Ser Val Ser Asn Ser Gln Pro		
180	185	190
Thr Asn Glu Ser His Ser Ile Lys Ala Ile Leu Lys Asn Ile Ser Val		
195	200	205
Leu Ala Phe Ser Val Cys Phe Ile Phe Thr Ile Thr Ile Gly Met Phe		
210	215	220
Pro Ala Val Thr Val Glu Val Lys Ser Ser Ile Ala Gly Ser Ser Thr		
225	230	235
Trp Glu Arg Tyr Phe Ile Pro Val Ser Cys Phe Leu Thr Phe Asn Ile		
245	250	255
Phe Asp Trp Leu Gly Arg Ser Leu Thr Ala Val Phe Met Trp Pro Gly		
260	265	270
Lys Asp Ser Arg Trp Leu Pro Ser Leu Val Leu Ala Arg Leu Val Phe		
275	280	285
Val Pro Leu Leu Leu Leu Cys Asn Ile Lys Pro Arg Arg Tyr Leu Thr		
290	295	300
Val Val Phe Glu His Asp Ala Trp Phe Ile Phe Phe Met Ala Ala Phe		
305	310	315
Ala Phe Ser Asn Gly Tyr Leu Ala Ser Leu Cys Met Cys Phe Gly Pro		
325	330	335

Lys Lys Val Lys Pro Ala Glu Ala Glu Thr Ala Gly Ala Ile Met Ala

340

345

350

Phe Phe Leu Cys Leu Gly Leu Ala Leu Gly Ala Val Phe Ser Phe Leu

355

360

365

Phe Arg Ala Ile Val

370

【0145】

配列番号：18

配列の長さ：183

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10297

配列

Met Lys Leu Leu Ser Leu Val Ala Val Val Gly Cys Leu Leu Val Pro

1

5

10

15

Pro Ala Glu Ala Asn Lys Ser Ser Glu Asp Ile Arg Cys Lys Cys Ile

20

25

30

Cys Pro Pro Tyr Arg Asn Ile Ser Gly His Ile Tyr Asn Gln Asn Val

35

40

45

Ser Gln Lys Asp Cys Asn Cys Leu His Val Val Glu Pro Met Pro Val

50

55

60

Pro Gly His Asp Val Glu Ala Tyr Cys Leu Leu Cys Glu Cys Arg Tyr

65

70

75

80

Glu Glu Arg Ser Thr Thr Thr Ile Lys Val Ile Ile Val Ile Tyr Leu

	85	90	95
Ser Val Val Gly Ala Leu Leu Leu Tyr Met Ala Phe Leu Met Leu Val			
100	105	110	
Asp Pro Leu Ile Arg Lys Pro Asp Ala Tyr Thr Glu Gln Leu His Asn			
115	120	125	
Glu Glu Glu Asn Glu Asp Ala Arg Ser Met Ala Ala Ala Ala Ser			
130	135	140	
Leu Gly Gly Pro Arg Ala Asn Thr Val Leu Glu Arg Val Glu Gly Ala			
145	150	155	160
Gln Gln Arg Trp Lys Leu Gln Val Gln Glu Gln Arg Lys Thr Val Phe			
165	170	175	
Asp Arg His Lys Met Leu Ser			
180			

【0146】

配列番号：19

配列の長さ：116

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10299

配列

Met Ala Ser Thr Val Val Ala Val Gly Leu Thr Ile Ala Ala Ala Gly			
1	5	10	15
Phe Ala Gly Arg Tyr Val Leu Gln Ala Met Lys His Met Glu Pro Gln			
20	25	30	

Val Lys Gln Val Phe Gln Ser Leu Pro Lys Ser Ala Phe Ser Gly Gly  
 35 40 45  
 Tyr Tyr Arg Gly Gly Phe Glu Pro Lys Met Thr Lys Arg Glu Ala Ala  
 50 55 60  
 Leu Ile Leu Gly Val Ser Pro Thr Ala Asn Lys Gly Lys Ile Arg Asp  
 65 70 75 80  
 Ala His Arg Arg Ile Met Leu Leu Asn His Pro Asp Lys Gly Gly Ser  
 85 90 95  
 Pro Tyr Ile Ala Ala Lys Ile Asn Glu Ala Lys Asp Leu Leu Glu Gly  
 100 105 110  
 Gln Ala Lys Lys  
 115

【0147】

配列番号：20

配列の長さ：152

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：類表皮癌

セルライン：KB

クローン名：HP10301

配列

Met Ala Val Leu Ser Lys Glu Tyr Gly Phe Val Leu Leu Thr Gly Ala  
 1 5 10 15  
 Ala Ser Phe Ile Met Val Ala His Leu Ala Ile Asn Val Ser Lys Ala  
 20 25 30

特平 8-301429

Arg Lys Lys Tyr Lys Val Glu Tyr Pro Ile Met Tyr Ser Thr Asp Pro

45

Glu Asn Gly His Ile Phe Asn Cys Ile Gln Arg Ala His Gln Asn Thr

60

Leu Glu Val Tyr Pro Pro Phe Leu Phe Phe Leu Ala Val Gly Gly Val

80

Tyr His Pro Arg Ile Ala Ser Gly Leu Gly Leu Ala Trp Ile Val Gly

95

Arg Val Leu Tyr Ala Tyr Gly Tyr Tyr Thr Gly Glu Pro Ser Lys Arg

110

Ser Arg Gly Ala Leu Gly Ser Ile Ala Leu Leu Gly Leu Val Gly Thr

125

Thr Val Cys Ser Ala Phe Gln His Leu Gly Trp Val Lys Ser Gly Leu

140

Gly Ser Gly Pro Lys Cys Cys His

150

【0 1 4 8】

配列番号：21

配列の長さ： 5 5 9

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP10302

配列

Met Ala Pro Thr Leu Gln Gln Ala Tyr Arg Arg Arg Trp Trp Met Ala

1	5	10	15
Cys Thr Ala Val Leu Glu Asn Leu Phe Phe Ser Ala Val Leu Leu Gly			
20	25	30	
Trp Gly Ser Leu Leu Ile Ile Leu Lys Asn Glu Gly Phe Tyr Ser Ser			
35	40	45	
Thr Cys Pro Ala Glu Ser Ser Thr Asn Thr Thr Gln Asp Glu Gln Arg			
50	55	60	
Arg Trp Pro Gly Cys Asp Gln Gln Asp Glu Met Leu Asn Leu Gly Phe			
65	70	75	80
Thr Ile Gly Ser Phe Val Leu Ser Ala Thr Thr Leu Pro Leu Gly Ile			
85	90	95	
Leu Met Asp Arg Phe Gly Pro Arg Pro Val Arg Leu Val Gly Ser Ala			
100	105	110	
Cys Phe Thr Ala Ser Cys Thr Leu Met Ala Leu Ala Ser Arg Asp Val			
115	120	125	
Glu Ala Leu Ser Pro Leu Ile Phe Leu Ala Leu Ser Leu Asn Gly Phe			
130	135	140	
Gly Gly Ile Cys Leu Thr Phe Thr Ser Leu Thr Leu Pro Asn Met Phe			
145	150	155	160
Gly Asn Leu Arg Ser Thr Leu Met Ala Leu Met Ile Gly Ser Tyr Ala			
165	170	175	
Ser Ser Ala Ile Thr Phe Pro Gly Ile Lys Leu Ile Tyr Asp Ala Gly			
180	185	190	
Val Ala Phe Val Val Ile Met Phe Thr Trp Ser Gly Leu Ala Cys Leu			
195	200	205	
Ile Phe Leu Asn Cys Thr Leu Asn Trp Pro Ile Glu Ala Phe Pro Ala			
210	215	220	
Pro Glu Glu Val Asn Tyr Thr Lys Lys Ile Lys Leu Ser Gly Leu Ala			
225	230	235	240

Leu Asp His Lys Val Thr Gly Asp Leu Phe Tyr Thr His Val Thr Thr			
245	250	255	
Met Gly Gln Arg Leu Ser Gln Lys Ala Pro Ser Leu Glu Asp Gly Ser			
260	265	270	
Asp Ala Phe Met Ser Pro Gln Asp Val Arg Gly Thr Ser Glu Asn Leu			
275	280	285	
Pro Glu Arg Ser Val Pro Leu Arg Lys Ser Leu Cys Ser Pro Thr Phe			
290	295	300	
Leu Trp Ser Leu Leu Thr Met Gly Met Thr Gln Leu Arg Ile Ile Phe			
305	310	315	320
Tyr Met Ala Ala Val Asn Lys Met Leu Glu Tyr Leu Val Thr Gly Gly			
325	330	335	
Gln Glu His Glu Thr Asn Glu Gln Gln Gln Lys Val Ala Glu Thr Val			
340	345	350	
Gly Phe Tyr Ser Ser Val Phe Gly Ala Met Gln Leu Leu Cys Leu Leu			
355	360	365	
Thr Cys Pro Leu Ile Gly Tyr Ile Met Asp Trp Arg Ile Lys Asp Cys			
370	375	380	
Val Asp Ala Pro Thr Gln Gly Thr Val Leu Gly Asp Ala Arg Asp Gly			
385	390	395	400
Val Ala Thr Lys Ser Ile Arg Pro Arg Tyr Cys Lys Ile Gln Lys Leu			
405	410	415	
Thr Asn Ala Ile Ser Ala Phe Thr Leu Thr Asn Leu Leu Leu Val Gly			
420	425	430	
Phe Gly Ile Thr Cys Leu Ile Asn Asn Leu His Leu Gln Phe Val Thr			
435	440	445	
Phe Val Leu His Thr Ile Val Arg Gly Phe Phe His Ser Ala Cys Gly			
450	455	460	
Ser Leu Tyr Ala Ala Val Phe Pro Ser Asn His Phe Gly Thr Leu Thr			

465                      470                      475                      480  
 Gly Leu Gln Ser Leu Ile Ser Ala Val Phe Ala Leu Leu Gln Gln Pro  
                          485                      490                      495  
 Leu Phe Met Ala Met Val Gly Pro Leu Lys Gly Glu Pro Phe Trp Val  
                          500                      505                      510  
 Asn Leu Gly Leu Leu Leu Phe Ser Leu Leu Gly Phe Leu Leu Pro Ser  
                          515                      520                      525  
 Tyr Leu Phe Tyr Tyr Arg Ala Arg Leu Gln Gln Glu Tyr Ala Ala Asn  
                          530                      535                      540  
 Gly Met Gly Pro Leu Lys Val Leu Ser Gly Ser Glu Val Thr Ala  
 545                      550                      555

【0149】

配列番号：22

配列の長さ：330

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：U-2 OS

クローン名：HP10304

配列

Met Glu Gly Ala Pro Pro Gly Ser Leu Ala Leu Arg Leu Leu Leu Phe  
 1                      5                      10                      15  
 Val Ala Leu Pro Ala Ser Gly Trp Leu Thr Thr Gly Ala Pro Glu Pro  
                          20                      25                      30  
 Pro Pro Leu Ser Gly Ala Pro Gln Asp Gly Ile Arg Ile Asn Val Thr



35	40	45
Thr Leu Lys Asp Asp Gly Asp Ile Ser Lys Gln Gln Val Val Leu Asn		
50	55	60
Ile Thr Tyr Glu Ser Gly Gln Val Tyr Val Asn Asp Leu Pro Val Asn		
65	70	75
Ser Gly Val Thr Arg Ile Ser Cys Gln Thr Leu Ile Val Lys Asn Glu		
85	90	95
Asn Leu Glu Asn Leu Glu Glu Lys Glu Tyr Phe Gly Ile Val Ser Val		
100	105	110
Arg Ile Leu Val His Glu Trp Pro Met Thr Ser Gly Ser Ser Leu Gln		
115	120	125
Leu Ile Val Ile Gln Glu Glu Val Val Glu Ile Asp Gly Lys Gln Val		
130	135	140
Gln Gln Lys Asp Val Thr Glu Ile Asp Ile Leu Val Lys Asn Arg Gly		
145	150	155
Val Leu Arg His Ser Asn Tyr Thr Leu Pro Leu Glu Glu Ser Met Leu		
165	170	175
Tyr Ser Ile Ser Arg Asp Ser Asp Ile Leu Phe Thr Leu Pro Asn Leu		
180	185	190
Ser Lys Lys Glu Ser Val Ser Ser Leu Gln Thr Thr Ser Gln Tyr Leu		
195	200	205
Ile Arg Asn Val Glu Thr Thr Val Asp Glu Asp Val Leu Pro Gly Lys		
210	215	220
Leu Pro Glu Thr Pro Leu Arg Ala Glu Pro Pro Ser Ser Tyr Lys Val		
225	230	235
Met Cys Gln Trp Met Glu Lys Phe Arg Lys Asp Leu Cys Arg Phe Trp		
245	250	255
Ser Asn Val Phe Pro Val Phe Phe Gln Phe Leu Asn Ile Met Val Val		
260	265	270

Gly Ile Thr Gly Ala Ala Val Val Ile Thr Ile Leu Lys Val Phe Phe  
 275 280 285  
 Pro Val Ser Glu Tyr Lys Gly Ile Leu Gln Leu Asp Lys Val Asp Val  
 290 295 300  
 Ile Pro Val Thr Ala Ile Asn Leu Tyr Pro Asp Gly Pro Glu Lys Arg  
 305 310 315 320  
 Ala Glu Asn Leu Glu Asp Lys Thr Cys Ile  
 325 330

【0150】

配列番号：23

配列の長さ：108

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイボセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：HU-2 OS

クローン名：HP10305

配列

Met Ser Leu Thr Ser Ser Ser Ser Val Arg Val Glu Trp Ile Ala Ala  
 1 5 10 15  
 Val Thr Ile Ala Ala Gly Thr Ala Ala Ile Gly Tyr Leu Ala Tyr Lys  
 20 25 30  
 Arg Phe Tyr Val Lys Asp His Arg Asn Lys Ala Met Ile Asn Leu His  
 35 40 45  
 Ile Gln Lys Asp Asn Pro Lys Ile Val His Ala Phe Asp Met Glu Asp  
 50 55 60

Leu Gly Asp Lys Ala Val Tyr Cys Arg Cys Trp Arg Ser Lys Lys Phe  
 65 70 75 80  
 Pro Phe Cys Asp Gly Ala His Thr Lys His Asn Glu Glu Thr Gly Asp  
 85 90 95  
 Asn Val Gly Pro Leu Ile Ile Lys Lys Lys Glu Thr  
 100 105

【0151】

配列番号：24

配列の長さ：101

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：U-2 OS

クローン名：HP10306

配列

Met Asn Leu Glu Arg Val Ser Asn Glu Glu Lys Leu Asn Leu Cys Arg  
 1 5 10 15  
 Lys Tyr Tyr Leu Gly Gly Phe Ala Phe Leu Pro Phe Leu Trp Leu Val  
 20 25 30  
 Asn Ile Phe Trp Phe Phe Arg Glu Ala Phe Leu Val Pro Ala Tyr Thr  
 35 40 45  
 Glu Gln Ser Gln Ile Lys Gly Tyr Val Trp Arg Ser Ala Val Gly Phe  
 50 55 60  
 Leu Phe Trp Val Ile Val Leu Thr Ser Trp Ile Thr Ile Phe Gln Ile  
 65 70 75 80

Tyr Arg Pro Arg Trp Gly Ala Leu Gly Asp Tyr Leu Ser Phe Thr Ile

85

90

95

Pro Leu Gly Thr Pro

100

【0152】

配列番号：25

配列の長さ：372

配列の型：アミノ酸

トポロジー：直鎖状

配列の種類：蛋白質

ハイポセティカル：No

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：類表皮癌

セルライン：KB

クローン名：HP10328

配列

Met Lys Tyr Leu Arg His Arg Arg Pro Asn Ala Thr Leu Ile Leu Ala

1

5

10

15

Ile Gly Ala Phe Thr Leu Leu Leu Phe Ser Leu Leu Val Ser Pro Pro

20

25

30

Thr Cys Lys Val Gln Glu Gln Pro Pro Ala Ile Pro Glu Ala Leu Ala

35

40

45

Trp Pro Thr Pro Pro Thr Arg Pro Ala Pro Ala Pro Cys His Ala Asn

50

55

60

Thr Ser Met Val Thr His Pro Asp Phe Ala Thr Gln Pro Gln His Val

65

70

75

80

Gln Asn Phe Leu Leu Tyr Arg His Cys Arg His Phe Pro Leu Leu Gln

85

90

95

Asp Val Pro Pro Ser Lys Cys Ala Gln Pro Val Phe Leu Leu Leu Val			
100	105	110	
Ile Lys Ser Ser Pro Ser Asn Tyr Val Arg Arg Glu Leu Leu Arg Arg			
115	120	125	
Thr Trp Gly Arg Glu Arg Lys Val Arg Gly Leu Gln Leu Arg Leu Leu			
130	135	140	
Phe Leu Val Gly Thr Ala Ser Asn Pro His Glu Ala Arg Lys Val Asn			
145	150	155	160
Arg Leu Leu Glu Leu Glu Ala Gln Thr His Gly Asp Ile Leu Gln Trp			
165	170	175	
Asp Phe His Asp Ser Phe Phe Asn Leu Thr Leu Lys Gln Val Leu Phe			
180	185	190	
Leu Gln Trp Gln Glu Thr Arg Cys Ala Asn Ala Ser Phe Val Leu Asn			
195	200	205	
Gly Asp Asp Asp Val Phe Ala His Thr Asp Asn Met Val Phe Tyr Leu			
210	215	220	
Gln Asp His Asp Pro Gly Arg His Leu Phe Val Gly Gln Leu Ile Gln			
225	230	235	240
Asn Val Gly Pro Ile Arg Ala Phe Trp Ser Lys Tyr Tyr Val Pro Glu			
245	250	255	
Val Val Thr Gln Asn Glu Arg Tyr Pro Pro Tyr Cys Gly Gly Gly Gly			
260	265	270	
Phe Leu Leu Ser Arg Phe Thr Ala Ala Ala Leu Arg Arg Ala Ala His			
275	280	285	
Val Leu Asp Ile Phe Pro Ile Asp Asp Val Phe Leu Gly Met Cys Leu			
290	295	300	
Glu Leu Glu Gly Leu Lys Pro Ala Ser His Ser Gly Ile Arg Thr Ser			
305	310	315	320
Gly Val Arg Ala Pro Ser Gln His Leu Ser Ser Phe Asp Pro Cys Phe			

325                      330                      335  
 Tyr Arg Asp Leu Leu Leu Val His Arg Phe Leu Pro Tyr Glu Met Leu  
 340                      345                      350  
 Leu Met Trp Asp Ala Leu Asn Gln Pro Asn Leu Thr Cys Gly Asn Gln  
 355                      360                      365  
 Thr Gln Ile Tyr  
 370

【0153】

配列番号：26

配列の長さ：615

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：繊維肉腫

セルライン：HT-1080

クローン名：HP00442

配列

ATGACGGGGC TAGCACTGCT CTA	CTCCGGG GTCTTCGTGG CCTTCTGGGC CTGCGCGCTG	60
GCCGTGGGAG TCTGCTACAC CAT	TTTTGAT TTGGGCTTCC GCTTTGATGT GGCATGGTTC	120
CTGACGGAGA CTTCGCCCTT CAT	GTGGTCC AACCTGGGCA TTGGCCTAGC TATCTCCCTG	180
TCTGTGGTTG GGGCAGCCTG GGG	CATCTAT ATTACGGGCT CCTCCATCAT TGGTGGAGGA	240
GTGAAGGCCC CCAGGATCAA GAC	CAAGAAC CTGGTCAGCA TCATCTTCTG TGAGGCTGTG	300
GCCATCTACG GCATCATCAT GGCA	ATTGTC ATTAGCAACA TGGCTGAGCC TTTCAGTGCC	360
ACAGACCCCA AGGCCATCGG CCAT	CGGAAC TACCATGCAG GCTACTCCAT GTTTGGGGCT	420
GGCCTACCG TAGGCCTGTC TAAC	CTTTC TGTGGAGTCT GCGTGGGCAT CGTGGGCAGT	480
GGGGCTGCCC TGGCCGATGC TCAG	AACCCC AGCCTCTTTG TAAAGATTCT CATCGTGGAG	540

ATCTTTGGCA GCGCCATTGG CCTCTTTGGG GTCATCGTCG CAATTCTTCA GACCTCCAGA 600  
GTGAAGATGG GTGAC 615

【0154】

配列番号：27

配列の長さ：1113

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：白血球

クローン名：HP00804

配列

ATGTCCCATG AAAAGAGTTT TTTGGTGTCT GGGGACAACT ATCCTCCCC CAACCCTGGA 60  
TATCCGGGGG GGCCCCAGCC ACCCATGCCC CCCTATGCTC AGCCTCCCTA CCCTGGGGCC 120  
CCTTACCCAC AGCCCCCTTT CCAGCCCTCC CCCTACGGTC AGCCAGGGTA CCCCCATGGC 180  
CCCAGCCCCCT ACCCCCAAGG GGGCTACCCA CAGGGTCCCT ACCCCCAAGG GGGCTACCCA 240  
CAGGGCCCCCT ACCACAAGA GGGCTACCCA CAGGGCCCCCT ACCCCCAAGG GGGCTACCCC 300  
CAGGGGCCAT ATCCCCAGAG CCCCTTCCCC CCAACCCCT ATGGACAGCC ACAGGTCTTC 360  
CCAGGACAAG ACCCTGACTC ACCCCAGCAT GGAACTACC AGGAGGAGGG TCCCCATCC 420  
TACTATGACA ACCAGGACTT CCCTGCCACC AACTGGGATG ACAAGAGCAT CCGACAGGCC 480  
TTCATCCGCA AGGTGTTCTT AGTGCTGACC TTGCAGCTGT CGGTGACCCT GTCCACGGTG 540  
TCTGTGTTCA CTTTGTGTC GGAGGTGAAG GGCTTTGTCC GGGAGAATGT CTGGACCTAC 600  
TATGTCTCCT ATGCTGTCTT CTTTCTCTCT CTCATCGTCC TCAGCTGTTG TGGGGACTTC 660  
CGGCGAAAGC ACCCCTGGAA CCTTGTTGCA CTGTCGGTCC TGACCGCCAG CCTGTCGTAC 720  
ATGGTGGGGA TGATCGCCAG CTTCTACAAC ACCGAGGCAG TCATCATGGC CGTGGGCATC 780  
ACCACAGCCG TCTGCTTCAC CGTCGTCATC TTCTCCATGC AGACCGCTA CGACTTCACC 840  
TCATGCATGG GCGTGCTCCT GGTGAGCATG GTGGTGCTCT TCATCTTCGC CATTCTCTGC 900

ATCTTCATCC GGAACCGCAT CCTGGAGATC GTGTACGCCT CACTGGGCGC TCTGCTCTTC	960
ACCTGCTTCC TCGCAGTGGA CACCCAGCTG CTGCTGGGGA ACAAGCAGCT GTCCCTGAGC	1020
CCAGAAGAGT ATGTGTTTGC TGCCTGAAC CTGTACACAG ACATCATCAA CATCTTCCTG	1080
TACATCCTCA CCATCATTGG CCGCGCCAAG GAG	1113

【0155】

配列番号：28

配列の長さ：537

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP01098

配列

ATGCTGTCTC TAGACTTTTT GGACGATGTG CGGCGGATGA ACAAGCGGCA GCTCTATTAT	60
CAAGTCCTAA ATTTTGGAAT GATTGTCTCA TCGGCACTAA TGATCTGGAA GGGGTTAATG	120
GTAATAACTG GAAGTGAAAG TCCGATTGTA GTGGTGCTCA GTGGCAGCAT GGAACCTGCA	180
TTTCATAGAG GAGATCTTCT CTTTCTAACA AATCGAGTTG AAGATCCCAT ACGAGTGGGA	240
GAAATTGTTG TTTTtaggat AGAAGGAAGA GAGATTCCTA TAGTTCACCG AGTCTTGAAG	300
ATTCATGAAA AGCAAAATGG GCATATCAAG TTTTGACCA AAGGAGATAA TAATGCGGTT	360
GATGACCGAG GCCTCTATAA ACAAGGACAA CATTGGCTAG AGAAAAAAGA TGTGTGGGG	420
AGAGCCAGGG GATTGTTC TTATATTGGA ATTGTGACGA TCCTCATGAA TGAATATCCT	480
AAATTTAAGT ATGCAGTTCT CTTTTGCTG GGTATTTCG TGCTGGTTCA TCGTGAG	537

【0156】

配列番号：29

配列の長さ：1041

配列の型：核酸



鎖の数： 二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP01148

配列

ATGGCTCTGC TATTCTCCTT GATCCTTGCC ATTTGCACCA GACCTGGATT CCTAGCGTCT	60
CCATCTGGAG TCGGCTGGT GGGGGGCCTC CACCGCTGTG AAGGGCGGGT GGAGGTGGAA	120
CAGAAAGGCC AGTGGGGCAC CGTGTGTGAT GACGGCTGGG ACATTAAGGA CGTGGCTGTG	180
TTGTGCCGGG AGCTGGGCTG TGGAGCTGCC AGCGGAACCC CTAGTGGTAT TTTGTATGAG	240
CCACCAGCAG AAAAAGAGCA AAAGGTCCTC ATCCAATCAG TCAGTTGCAC AGGAACAGAA	300
GATACATTGG CTCAGTGTGA GCAAGAAGAA GTTTATGATT GTTCACATGA AGAAGATGCT	360
GGGGCATCGT GTGAGAACCC AGAGAGCTCT TTCTCCCCAG TCCCAGAGGG TGTCAGGCTG	420
GCTGACGGCC CTGGGCATTG CAAGGGACGC GTGGAAGTGA AGCACCAGAA CCAGTGGTAT	480
ACCGTGTGCC AGACAGGCTG GAGCCTCCGG GCCGCAAAGG TGGTGTGCCG GCAGCTGGGA	540
TGTGGGAGGG CTGTACTGAC TCAAAAACGC TGCAACAAGC ATGCCTATGG CCGAAAACCC	600
ATCTGGCTGA GCCAGATGTC ATGCTCAGGA CGAGAAGCAA CCCTCAGGA TTGCCCTTCT	660
GGGCCCTTGGG GGAAGAACAC CTGCAACCAT GATGAAGACA CGTGGGTCGA ATGTGAAGAT	720
CCCTTTGACT TGAGACTAGT AGGAGGAGAC AACCTCTGCT CTGGGCGACT GGAGGTGCTG	780
CACAAGGGCG TATGGGGCTC TGTCTGTGAT GACAACTGGG GAGAAAAGGA GGACCAGGTG	840
GTATGCAAGC AACTGGGCTG TGGGAAGTCC CTCTCTCCCT CCTTCAGAGA CCGGAAATGC	900
TATGGCCCTG GGGTTGGCCG CATCTGGCTG GATAATGTTC GTTGCTCAGG GGAGGAGCAG	960
TCCCTGGAGC AGTGCCAGCA CAGATTTTGG GGGTTTCACG ACTGCACCCA CCAGGAAGAT	1020
GTGGCTGTCA TCTGCTCAGG A	1041

【0157】

配列番号：30

配列の長さ：1662

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP01293

配列

ATGCCACCG TGGATGACAT TCTGGAGCAG GTTGGGGAGT CTGGCTGGTT CCAGAAGCAA	60
GCCTTCCTCA TCTTATGCCT GCTGTCGGCT GCCTTTGCGC CCATCTGTGT GGGCATCGTC	120
TTCCTGGGTT TCACACCTGA CCACCACTGC CAGAGTCCTG GGGTGGCTGA GCTGAGCCAG	180
CGCTGTGGCT GGAGCCCTGC GGAGGAGCTG AACTATACAG TGCCAGGCCT GGGGCCCCGG	240
GGCGAGGCCT TCCTTGGCCA GTGCAGGCGC TATGAAGTGG ACTGGAACCA GAGCGCCCTC	300
AGCTGTGTAG ACCCCCTGGC TAGCCTGGCC ACCAACAGGA GCCACCTGCC GCTGGGTCCC	360
TGCCAGGATG GCTGGGTGTA TGACACGCCC GGCTCTTCCA TCGTCACTGA GTTCAACCTG	420
GTGTGTGCTG ACTCCTGGAA GCTGGACCTC TTTCAGTCCT GTTTGAATGC GGGCTTCTTC	480
TTTGGCTCTC TCGGTGTTGG CTACTTTGCA GACAGGTTTG GCCGTAAGCT GTGTCTCCTG	540
GGAAGTGTGC TGGTCAACGC GGTGTCGGGC GTGCTCATGG CCTTCTCGCC CAACTACATG	600
TCCATGCTGC TCTTCCGCCT GCTGCAGGGC CTGGTCAGCA AGGGCAACTG GATGGCTGGC	660
TACACCCTAA TCACAGAATT TGTGGGCTCG GGCTCCAGAA GAACGGTGGC GATCATGTAC	720
CAGATGGCCT TCACGGTGGG GCTGGTGGCG CTTACGGGC TGGCCTACGC CCTGCCTCAC	780
TGGCGCTGGC TGCAGCTGGC AGTCTCCCTG CCCACCTTCC TCTTCCTGCT CTACTIONTGG	840
TGTGTGCCCG AGTCCCCTCG GTGGCTGTTA TCACAAAAAA GAAACACTGA AGCAATAAAG	900
ATAATGGACC ACATCGCTCA AAAGAATGGG AAGTTGCCTC CTGCTGATTT AAAGATGCTT	960
TCCCTCGAAG AGGATGTCAC CGAAAAGCTG AGCCCTTCAT TTGCAGACCT GTTCCGCACG	1020
CCGCGCCTGA GGAAGCGCAC CTTCATCCTG ATGTACCTGT GGTTCACGGA CTCTGTGCTC	1080
TATCAGGGGC TCATCCTGCA CATGGGCGCC ACCAGCGGGA ACCTCTACCT GGATTTCTTT	1140
TACTCCGCTC TGGTCGAAAT CCCGGGGGCC TTCATAGCCC TCATCACCAT TGACCGCGTG	1200

GGCCGCATCT ACCCCATGGC CGTGTCAAAT TTGTTGGCGG GGGCAGCCTG CCTCGTCATG 1260  
 ATTTTATCT CACCTGACCT GCACTGGTTA AACATCATAA TCATGTGTGT TGGCCGAATG 1320  
 GGAATCACCA TTGCAATACA AATGATCTGC CTGGTGAATG CTGAGCTGTA CCCCACATTC 1380  
 GTCAGGAACC TCGGAGTGAT GGTGTGTTCC TCCCTGTGTG ACATAGGTGG GATAATCACC 1440  
 CCCTTCATAG TCTTCAGGCT GAGGGAGGTC TGGCAAGCCT TGCCCCTCAT TTTGTTTGCG 1500  
 GTGTTGGGCC TGCTTGCCGC GGGAGTGACG CTACTTCTTC CAGAGACCAA GGGGGTCGCT 1560  
 TTGCCAGAGA CCATGAAGGA CGCCGAGAAC CTTGGGAGAA AAGCAAAGCC CAAAGAAAAC 1620  
 ACGATTACC TTAAGGTCCA AACCTCAGAA CCCTCGGGCA CC 1662

【0158】

配列番号：31

配列の長さ：1050

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：類表皮癌

セルライン：KB

クローン名：HP10013

配列

ATGGCTGTGT TTGTCGTGCT CCTGGCGTTG GTGGCGGGTG TTTGGGGAA CGAGTTTAGT 60  
 ATATTAAAT CACCAGGGTC TGTTGTTTTT CGAAATGGAA ATTGGCCTAT ACCAGGAGAG 120  
 CGGATCCCAG ACGTGGCTGC ATTGTCCATG GGCTTCTCTG TGAAAGAAGA CCTTCTTGG 180  
 CCAGGACTCG CAGTGGGTAA CCTGTTTCAT CGTCCTCGGG CTACCGTCAT GGTGATGGTG 240  
 AAGGGAGTGA ACAAACTGGC TCTACCCCCA GGCAGTGTCA TTTCGTACCC TTTGGAGAAT 300  
 GCAGTTCCTT TTAGTCTTGA CAGTGTTGCA AATTCCATTC ACTCCTTATT TTCTGAGGAA 360  
 ACTCCTGTTG TTTTGCAGTT GGCTCCCAGT GAGGAAAGAG TGTATATGGT AGGGAAGGCA 420  
 AACTCAGTGT TTGAAGACCT TTCAGTCACC TTGCGCCAGC TCCGTAATCG CCTGTTTCAA 480

GAAAACTCTG TTCTCAGTTC ACTCCCCCTC AATTCTCTGA GTAGGAACAA TGAAGTTGAC	540
CTGCTCTTTC TTTCTGAACT GCAAGTGCTA CATGATATTT CAAGCTTGCT GTCTCGTCAT	600
AAGCATCTAG CCAAGGATCA TTCTCCTGAT TTATATTAC TGGAGCTGGC AGGTTTGGAT	660
GAAATTGGGA AGCGTTATGG GGAAGACTCT GAACAATTCA GAGATGCTTC TAAGATCCTT	720
GTTGACGCTC TGCAAAAAGTT TGCAGATGAC ATGTACAGTC TTTATGGTGG GAATGCAGTG	780
GTAGAGTTAG TCACTGTCAA GTCATTTGAC ACCTCCCTCA TTAGGAAGAC AAGGACTATC	840
CTTGAGGCAA AACAAGCGAA GAACCCAGCA AGTCCCTATA ACCTTGATA TAAGTATAAT	900
TTTGAATATT CCGTGGTTTT CAACATGGTA CTTTGGATAA TGATCGCCTT GGCCTTGGCT	960
GTGATTATCA CCTCTTACAA TATTTGGAAC ATGGATCCTG GATATGATAG CATCATTTAT	1020
AGGATGACAA ACCAGAAGAT TCGAATGGAT	1050

【0159】

配列番号：32

配列の長さ：627

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：繊維肉腫

セルライン：HT-1080

クローン名：HP10034

配列

ATGGTGTCTT CTCCCTGCAC GCAGGCAAGC TCACGGACTT GCTCCCGTAT CCTGGGACTG	60
AGCCTTGGGA CTGCAGCCCT GTTTGCTGCT GGGGCCAAGC TGGCACTCCT CCTTCCTAAC	120
TGGGATGTCA CCTACCTGTT GAGGGGCCTC CTTGGCAGGC ATGCCATGCT GGGAAGTGGG	180
CTCTGGGGAG GAGGCCTCAT GGTACTCACT GCAGCTATCC TCATCTCCTT GATGGGCTGG	240
AGATACGGCT GCTTCAGTAA GAGTGGGCTC TGTCGAAGCG TGCTTACTGC TCTGTTGTCA	300
GGTGGCCTGG CTTTACTTGG AGCCCTGATT TGCTTTGTCA CTTCTGGAGT TGCTCTGAAA	360

GATGGTCCTT TTTGCATGTT TGATGTTTCA TCCTTCAATC AGACACAAGC TTGGAAATAT	420
GGTTACCCAT TCAAAGACCT GCATAGTAGG AATTATCTGT ATGACCGTTC GCTCTGGAAC	480
TCCGTCTGCC TGGAGCCCTC TGCAGCTGTT GTCTGGCAGC TGTCCCTCTT CTCCGCCCTT	540
CTGTGCATCA GCCTGCTCCA GCTTCTCCTG GTGGTCGTTT ATGTCATCAA CAGCCTCCTG	600
GGCCTTTTCT GCAGCCTCTG CGAGAAG	627

【0160】

配列番号：33

配列の長さ：489

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：繊維肉腫

セルライン：HT-1080

クローン名：HP10050

配列

ATGGCGGCTG GGCTGTTTGG TTTGAGCGCT CGCCGTCTTT TGGCGGCAGC GGCGACGCGA	60
GGGCTCCCGG CCGCCCGCGT CCGCTGGGAA TCTAGCTTCT CCAGGACTGT GGTGCCCCCG	120
TCCGTGTGG CGGGAAAGCG GCGCCAGAA CCGACCACAC CGTGGCAAGA GGACCCAGAA	180
CCCGAGGACG AAAACTTGTA TGAGAAGAAC CCAGACTCCC ATGGTTATGA CAAGGACCCC	240
GTTTTGGACG TCTGGAACAT GCGACTTGTC TTCTTCTTTG GCGTCTCCAT CATCCTGGTC	300
CTTGGCAGCA CCTTTGTGGC CTATCTGCCT GACTACAGGT GCACAGGGTG TCCAAGAGCG	360
TGGGATGGGA TGAAAGAGTG GTCCCGCCGC GAAGCTGAGA GGCTTGTGAA ATACCGAGAG	420
GCCAATGGCC TTCCCATCAT GGAATCCAAC TGCTTCGACC CCAGCAAGAT CCAGCTGCCA	480
GAGGATGAG	489

【0161】

配列番号：34

配列の長さ：276

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10071

配列

ATGACGAAAT TAGCGCAGTG GCTTTGGGGA CTAGCGATCC TGGGCTCCAC CTGGGTGGCC	60
CTGACCACGG GAGCCTTGGG CCTGGAGCTG CCCTTGTCCT GCCAGGAAGT CCTGTGGCCA	120
CTGCCCCGCT ACTTGCTGGT GTCCGCCGGC TGCTATGCCC TGGGCACTGT GGGCTATCGT	180
GTGGCCACTT TTCATGACTG CGAGGACGCC GCACGCGAGC TGCAGAGCCA GATACAGGAG	240
CCCCGAGCCG ACTTAGCCCG CAGGGGGCTG CGCTTC	276

【0162】

配列番号：35

配列の長さ：516

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：リンホーマ

セルライン：U937

クローン名：HP10076

配列

ATGGAATATT TGGCTCATCC CAGTACACTC GGCTTGGCTG TTGGAGTTGC TTGTGGCATG	60
---	----

TGCCTGGGCT GGAGCCTTCG AGTATGCTTT GGGATGCTCC CCAAAAGCAA GACGAGCAAG	120
ACACACACAG ATACTGAAAG TGAAGCAAGC ATCTTGGGAG ACAGCGGGGA GTACAAGATG	180
ATTCTTGTGG TTCGAAATGA CTTAAAGATG GGAAAAGGGA AAGTGGCTGC CCAGTGCTCT	240
CATGCTGCTG TTTCAGCCTA CAAGCAGATT CAAAGAAGAA ATCCTGAAAT GCTCAAAACAA	300
TGGGAATACT GTGGCCAGCC CAAGGTGGTG GTCAAAGCTC CTGATGAAGA AACCTGATT	360
GCATTATTGG CCCATGCAAA AATGCTGGGA CTGACTGTAA GTTTAATTCA AGATGCTGGA	420
CGTACTCAGA TTGCACCAGG CTCTCAAACCT GTCCTAGGGA TTGGGCCAGG ACCAGCAGAC	480
CTAATTGACA AAGTCACTGG TCACCTAAAA CTTTAC	516

【0163】

配列番号：36

配列の長さ：447

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：リンホーマ

セルライン：U937

クローン名：HP10085

配列

ATGATGACCA AACATAAAAA GTGTTTTATA ATTGTTGGTG TTTTAATAAC AACTAATATT	60
ATTACTCTGA TAGTTAAACT AACTCGAGAT TCTCAGAGTT TATGCCCCTA TGATTGGATT	120
GGTTTCCAAA ACAAATGCTA TTATTTCTCT AAAGAAGAAG GAGATTGGAA TTCAAGTAAA	180
TACAACTGTT CCACTCAACA TGCCGACCTA ACTATAATTG ACAACATAGA AGAAATGAAT	240
TTTCTTAGGC GGTATAAATG CAGTTCTGAT CACTGGATTG GACTGAAGAT GGCAAAAAAT	300
CGAACAGGAC AATGGGTAGA TGGAGCTACA TTTACCAAAT CGTTTGGCAT GAGAGGGAGT	360
GAAGGATGTG CCTACCTCAG CGATGATGGT GCAGCAACAG CTAGATGTTA CACCGAAAGA	420
AAATGGATTT GCAGGAAAAG AATACAC	447

【0164】

配列番号：37

配列の長さ：564

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10122

配列

ATGAGCACTA TGTCGCGGA CACTCTCCTC ATCGTTTTTA TCTCTGTGTG CACGGCTCTG	60
CTCGCAGAGG GCATAACCTG GGTCTGGTT TACAGGACAG ACAAGTACAA GAGACTGAAG	120
GCAGAAAGTGG AAAAACAGAG TAAAAAATTG GAAAAGAAGA AGGAAACAAT AACAGAGTCA	180
GCTGGTCGAC AACAGAAAAA GAAAATAGAG AGACAAGAAG AGAAACTGAA GAATAACAAC	240
AGAGATCTAT CAATGGTTCG AATGAAATCC ATGTTTGCTA TTGGCTTTTG TTTTACTGCC	300
CTAATGGGAA TGTTCAATTC CATATTTGAT GGTAGAGTGG TGGCAAAGCT TCCTTTTACC	360
CCTCTTTCTT ACATCCAAGG ACTGTCTCAT CGAAATCTGC TGGGAGATGA CACCACAGAC	420
TGTTCTTCA TTTTCCTGTA TATTCTCTGT ACTATGTCGA TTCGACAGAA CATTGAGAAG	480
ATTCTCGGCC TTGCCCTTC ACGAGCCGCC ACCAAGCAGG CAGGTGGATT TCTTGGCCCA	540
CCACCTCCTT CTGGGAAGTT CTCT	564

【0165】

配列番号：38

配列の長さ：645

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA



起源:

生物名: ホモ=サピエンス

細胞の種類: リンホーマ

セルライン: U937

クローン名: HP10136

配列

ATGGTGTTC TAACAATGAT CGCCCGAGTG GCGGACGGGC TCCCGCTGGC CGCCTCGATG	60
CAGGAGGACG AACAGTCTGG CCGGGACCTT CAACAGTATC AGAGTCAGGC TAAGCAACTC	120
TTTCGAAAGT TGAATGAACA GTCCCCTACC AGATGTACCT TGGAAGCAGG AGCCATGACT	180
TTTCACTACA TTATTGAGCA GGGGGTGTGT TATTTGGTTT TATGTGAAGC TGCCTTCCCT	240
AAGAAGTTGG CTTTTGCCTA CCTAGAAGAT TTGCACTCAG AATTGATGA ACAGCATGGA	300
AAGAAGGTGC CCACTGTGTC CCGACCCTAT TCCTTTATTG AATTGATAC TTTCATTCAG	360
AAAACCAAGA AGCTCTACAT TGACAGTCGT GCTCGAAGAA ATCTAGGCTC CATCAACACT	420
GAATTGCAAG ATGTGCAGAG GATCATGGTG GCCAATATTG AAGAAGTGTT ACAACGAGGA	480
GAAGCACTCT CAGCATTGGA TTCAAAGGCT AACAATTTGT CCAGTCTGTC CAAGAAATAC	540
CGCCAGGATG CGAAGTACTT GAACATGCGT TCCACTTATG CCAAACTTGC AGCAGTAGCT	600
GTATTTTTCA TCATGTTAAT AGTGTATGTC CGATTCTGGT GGCTG	645

【0166】

配列番号: 39

配列の長さ: 336

配列の型: 核酸

鎖の数: 二本鎖

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: cDNA to mRNA

起源:

生物名: ホモ=サピエンス

細胞の種類: 胃癌

クローン名: HP10175

配列

ATGCAGGACA CTGGCTCAGT AGTGCCTTTG CATTGGTTTG GCTTTGGCTA CGCAGCACTG	60
GTTGCTTCTG GTGGGATCAT TGGCTATGTA AAAGCAGGCA GCGTGCCGTC CCTGGCTGCA	120
GGGCTGCTCT TTGGCAGTCT AGCCGGCCTG GGTGCTTACC AGCTGTCTCA GGATCCAAGG	180
AACGTTTGGG TTTTCCTAGC TACATCTGGT ACCTTGGCTG GCATTATGGG AATGAGGTTC	240
TACCACTCTG GAAAATTCAT GCCTGCAGGT TTAATTGCAG GTGCCAGTTT GCTGATGGTC	300
GCCAAAGTTG GAGTTAGTAT GTTCAACAGA CCCCAT	336

【0167】

配列番号：40

配列の長さ：342

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：類表皮癌

セルライン：KB

クローン名：HP10179

配列

ATGGAGAAGC CCCTCTTCCC ATTAGTGCCT TTGCATTGGT TTGGCTTTGG CTACACAGCA	60
CTGGTTGTTT CTGGTGGGAT CGTTGGCTAT GTAAAAACAG GCAGCGTGCC GTCCCTGGCT	120
GCAGGGCTGC TCTTCGGCAG TCTAGCCGGC CTGGGTGCTT ACCAGCTGTA TCAGGATCCA	180
AGGAACGTTT GGGGTTTCCT AGCCGCTACA TCTGTACTT TTGTTGGTGT TATGGGAATG	240
AGATCCTACT ACTATGGAAA ATTCATGCCT GTAGGTTTAA TTGCAGGTGC CAGTTTGCTG	300
ATGGCCGCCA AAGTTGGAGT TCGTATGTTG ATGACATCTG AT	342

【0168】

配列番号：41

配列の長さ：981

配列の型：核酸

鎖の数： 二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：繊維肉腫

セルライン：HT-1080

クローン名：HP10196

配列

ATGGCGGCGG CGGCGGCGGC GGCTGCAGCT ACGAACGGGA CCGGAGGAAG CAGCGGGATG	60
GAGGTGGATG CAGCAGTAGT CCCCAGCGTG ATGGCCTGCG GAGTGA CTGG GAGTGTTC	120
GTCGCTCTCC ATCCCTTGT CATTCTCAAC ATCTCAGACC ACTGGATCCG CATGCGCTCC	180
CAGGAGGGGC GGCCTGTGCA GGTGATTGGG GCTCTGATTG GCAAGCAGGA GGGCCGAAAT	240
ATCGAGGTGA TGA ACTCCTT TGAGCTGCTG TCCCACACCG TGGAAGAGAA GATTATCATT	300
GACAAGGAAT ATTATTACAC CAAGGAGGAG CAGTTTAAAC AGGTGTTCAA GGAGCTGGAG	360
TTTCTGGGTT GGTATACCAC AGGGGGGCCA CCTGACCCCT CGGACATCCA CGTCCATAAG	420
CAGGTGTGTG AGATCATCGA GAGCCCCCTC TTTCTGAAGT TGAACCCTAT GACCAAGCAC	480
ACAGATCTTC CTGTCAGCGT TTTTGAGTCT GTCATTGATA TAATCAATGG AGAGGCCACA	540
ATGCTGTTTG CTGAGCTGAC CTACACTCTG GCCACAGAGG AAGCGGAACG CATTGGTGTA	600
GACCACGTAG CCCGAATGAC AGCAACAGGC AGTGGAGAGA ACTCCACTGT GGCTGAACAC	660
CTGATAGCAC AGCACAGCGC CATCAAGATG CTGCACAGCC GCGTCAAGCT CATCTTGGAG	720
TACGTCAAGG CCTCTGAAGC GGGAGAGGTC CCCTTTAATC ATGAGATCCT GCGGGAGGCC	780
TATGCTCTGT GTC ACTGTCT CCCGGTGCTC AGCACAGACA AGTTCAAGAC AGATTTTAT	840
GATCAATGCA ACGACGTGGG GCTCATGGCC TACCTCGGCA CCATCACCAA AACGTGCAAC	900
ACCATGAACC AGTTTGTGAA CAAGTTCAAT GTCCTCTACG ACCGACAAGG CATCGGCAGG	960
AGAATGCGCG GGCTCTTTTT C	981

【0169】

配列番号：42

配列の長さ：1119

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：繊維肉腫

セルライン：HT-1080

クローン名：HP10235

配列

ATGACCCTAT GTGCCATGCT GCCCCTGCTG TTATTCACCT ACCTCAACTC CTTCCTGCAT	60
CAGAGGATCC CCCAGTCCGT ACGGATCCTG GGCAGCCTGG TGGCCATCCT GCTGGTGT	120
CTGATCACTG CCATCCTGGT GAAGGTGCAG CTGGATGCTC TGCCCTTCTT TGTCATCACC	180
ATGATCAAGA TCGTGCTCAT TAATTCATTT GGTGCCATCC TGCAGGGCAG CCTGTTTGGT	240
CTGGCTGGCC TTCTGCCTGC CAGCTACACG GCGCCCATCA TGAGTGGCCA GGGCCTAGCA	300
GGCTTCTTTG CCTCCGTGGC CATGATCTGC GCTATTGCCA GTGGCTCGGA GCTATCAGAA	360
AGTGCCTTCG GCTACTTTAT CACAGCCTGT GCTGTTATCA TTTTGACCAT CATCTGTTAC	420
CTGGGCCTGC CCGCCTGGA ATTCTACCGC TACTACCAGC AGCTCAAGCT TGAAGGACCC	480
GGGAGCAGG AGACCAAGTT GGACCTCATT AGCAAAGGAG AGGAGCCAAG AGCAGGCAAA	540
GAGGAATCTG GAGTTTCAGT CTCCAACCTCT CAGCCCACCA ATGAAAGCCA CTCTATCAAA	600
GCCATCCTGA AAAATATCTC AGTCCTGGCT TTCTCTGTCT GCTTCATCTT CACTATCACC	660
ATTGGGATGT TTCCAGCCGT GACTGTTGAG GTCAAGTCCA GCATCGCAGG CAGCAGCACC	720
TGGGAACGTT ACTTCATTCC TGTGTCCTGT TTCTTGACTT TCAATATCTT TGAAGGTTG	780
GGCCGGAGCC TCACAGCTGT ATTCATGTGG CCTGGGAAGG ACAGCCGCTG GCTGCCAAGC	840
CTGGTGCTGG CCGGCTGGT GTTTGTGCCA CTGCTGCTGC TGTGCAACAT TAAGCCCCGC	900
CGCTACCTGA CTGTGGTCTT CGAGCACGAT GCCTGGTTCA TCTTCTTCAT GGCTGCCTTT	960
GCCTTCTCCA ACGGCTACCT CGCCAGCCTC TGCATGTGCT TCGGGCCCAA GAAAGTGAAG	1020
CCAGCTGAGG CAGAGACCGC AGGAGCCATC ATGGCCTTCT TCCTGTGTCT GGGTCTGGCA	1080
CTGGGGGCTG TTTTCTCCTT CCTGTTCCGG GCAATTGTG	1119

【0170】

配列番号：43

配列の長さ：549

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10297

配列

ATGAAGCTCT TATCTTTGGT GGCTGTGGTC GGGTGTTC TGGTGCCCC AGCTGAAGCC	60
AACAAGAGTT CTGAAGATAT CCGGTGCAAA TGCATCTGTC CACCTTATAG AAACATCAGT	120
GGGCACATTT ACAACCAGAA TGTATCCAG AAGGACTGCA ACTGCCTGCA CGTGGTGGAG	180
CCCATGCCAG TGCCTGGCCA TGACGTGGAG GCCTACTGCC TGCTGTGCGA GTGCAGGTAC	240
GAGGAGCGCA GCACCACCAC CATCAAGGTC ATCATTGTCA TCTACCTGTC CGTGGTGGGT	300
GCCCTGTTGC TCTACATGGC CTTCTGATG CTGGTGGACC CTCTGATCCG AAAGCCGGAT	360
GCATACACTG AGCAACTGCA CAATGAGGAG GAGAATGAGG ATGCTCGCTC TATGGCAGCA	420
GCTGCTGCAT CCCTCGGGGG ACCCGAGCA AACACAGTCC TGGAGCGTGT GGAAGGTGCC	480
CAGCAGCGGT GGAAGCTGCA GGTGCAGGAG CAGCGGAAGA CAGTCTTCGA TCGGCACAAG	540
ATGCTCAGC	549

【0171】

配列番号：44

配列の長さ：348

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源:

生物名: ホモ=サピエンス

細胞の種類: 胃癌

クローン名: HP10299

配列

ATGGCCAGTA CAGTGGTAGC AGTTGGACTG ACCATTGCTG CTGCAGGATT TGCAGGCCCGT	60
TACGTTTTGC AAGCCATGAA GCATATGGAG CCTCAAGTAA AACAAGTTTT TCAAAGCCTA	120
CCAAAAATCTG CCTTCAGTGG TGGCTATTAT AGAGGTGGGT TTGAACCCAA AATGACAAAA	180
CGGGAAGCA GCATTAATAC TAGGTGTAAG CCCTACTGCC AATAAAGGGA AAATAAGAGA	240
GCTCATCGAC GAATTATGCT TTAAATCAT CCTGACAAAG GAGGATCTCC TTATATAGCA	300
GCCAAAATCA ATGAAGCTAA AGATTTACTA GAAGGTCAAG CTAAAAAA	348

【0172】

配列番号: 45

配列の長さ: 456

配列の型: 核酸

鎖の数: 二本鎖

トポロジー: 直鎖状

配列の種類: cDNA to mRNA

起源:

生物名: ホモ=サピエンス

細胞の種類: 類表皮癌

セルライン: KB

クローン名: HP10301

配列

ATGGCTGTCC TCTCTAAGGA ATATGGTTTT GTGCTTCTAA CTGGTGCTGC CAGCTTTATA	60
ATGGTGGCCC ACCTAGCCAT CAATGTTTCC AAGGCCCGCA AGAAGTACAA AGTGGAGTAT	120
CCTATCATGT ACAGCACGGA CCCTGAAAAT GGGCACATCT TCAACTGCAT TCAGCGAGCC	180
CACCAGAACA CGTTGGAAGT GTATCCTCCC TTCTTATTTT TTCTAGCTGT TGGAGGTGTT	240
TACCACCCGC GTATAGCTTC TGGCCTGGGC TTGGCCTGGA TTGTTGGACG AGTTCTTTAT	300

GCTTATGGCT ATTACACGGG AGAACCCAGC AAGCGTAGTC GAGGAGCCCT GGGGTCCATC 360  
 GCCCTCCTGG GCTTGGTGGG CACAACTGTG TGCTCTGCTT TCCAGCATCT TGGTTGGGTT 420  
 AAAAGTGGCT TGGGCAGTGG ACCCAAATGC TGCCAT 456

【0173】

配列番号：46

配列の長さ：1677

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP10302

配列

ATGGCCCCCA CGCTGCAACA GGCGTACCGG AGGCGCTGGT GGATGGCCTG CACGGCTGTG 60  
 CTGGAGAACC TCTTCTTCTC TGCTGTACTC CTGGGCTGGG GCTCCCTGTT GATCATTCTG 120  
 AAGAACGAGG GCTTCTATT CAGCACGTGC CCAGCTGAGA GCAGCACCAA CACCACCCAG 180  
 GATGAGCAGC GCAGGTGGCC AGGCTGTGAC CAGCAGGACG AGATGCTCAA CCTGGGGCTTC 240  
 ACCATTGGTT CCTTCGTGCT CAGCGCCACC ACCCTGCCAC TGGGGATCCT CATGGACCGC 300  
 TTTGGCCCCC GACCCGTGCG GCTGGTTGGC AGTGCCTGCT TCACTGCGTC CTGCACCCTC 360  
 ATGGCCCTGG CCTCCCGGGA CGTGGAAGCT CTGTCTCCGT TGATATTCCT GGCGCTGTCC 420  
 CTGAATGGCT TTGGTGGCAT CTGCCTAACG TTCACTTAC TCACGCTGCC CAACATGTTT 480  
 GGGAACCTGC GCTCCACGTT AATGGCCCTC ATGATTGGCT CTTACGCCTC TTCTGCCATT 540  
 ACGTTCCCAG GAATCAAGCT GATCTACGAT GCCGGTGTGG CCTTCGTGGT CATCATGTTT 600  
 ACCTGGTCTG GCCTGGCCTG CCTTATCTTT CTGAACTGCA CCCTCAACTG GCCCATCGAA 660  
 GCCTTTCCTG CCCCTGAGGA AGTCAATTAC ACGAAGAAGA TCAAGCTGAG TGGGCTGGCC 720  
 CTGGACCACA AGGTGACAGG TGACCTCTTC TACACCCATG TGACCACCAT GGGCCAGAGG 780  
 CTCAGCCAGA AGGCCCCCAG CCTGGAGGAC GGTTCGGATG CCTTCATGTC ACCCCAGGAT 840

GTTCGGGGCA CCTCAGAAAA CCTTCCTGAG AGGTCTGTCC CCTTACGCAA GAGCCTCTGC 900  
 TCCCCACTT TCCTGTGGAG CCTCCTCACC ATGGGCATGA CCCAGCTGCG GATCATCTTC 960  
 TACATGGCTG CTGTGAACAA GATGCTGGAG TACCTTGTGA CTGGTGGCCA GGAGCATGAG 1020  
 ACAAATGAAC AGCAACAAAA GGTGGCAGAG ACAGTTGGGT TCTACTCCTC CGTCTTCGGG 1080  
 GCCATGCAGC TGTGTGCCT TCTCACCTGC CCCCTCATTG GCTACATCAT GGACTGGCGG 1140  
 ATCAAGGACT GCGTGGACGC CCCAACTCAG GGCAGTGTCC TCGGAGATGC CAGGGACGGG 1200  
 GTTGCTACCA AATCCATCAG ACCACGCTAC TGCAAGATCC AAAAGCTCAC CAATGCCATC 1260  
 AGTGCCTTCA CCCTGACCAA CCTGCTGCTT GTGGGTTTTG GCATCACCTG TCTCATCAAC 1320  
 AACTTACACC TCCAGTTTGT GACCTTTGTC CTGCACACCA TTGTTCGAGG TTTCTTCCAC 1380  
 TCAGCCTGTG GGAGTCTCTA TGCTGCAGTG TTCCCATCCA ACCACTTTGG GACGCTGACA 1440  
 GGCCTGCAGT CCCTCATCAG TGCTGTGTTC GCCTTGCTTC AGCAGCCACT TTTCATGGCG 1500  
 ATGGTGGGAC CCCTGAAAGG AGAGCCCTTC TGGGTGAATC TGGGCCTCCT GCTATTCTCA 1560  
 CTCCTGGGAT TCCTGTTGCC TTCCTACCTC TTCTATTACC GTGCCCCGCT CCAGCAGGAG 1620  
 TACGCCGCCA ATGGGATGGG CCCACTGAAG GTGCTTAGCG GCTCTGAGGT GACCGCA 1677

【0174】

配列番号：47

配列の長さ：990

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：U-2 OS

クローン名：HP10304

配列

ATGGAGGGCG CTCCACCGGG GTCGCTCGCC CTCGGGCTCC TGCTGTTTGT GGGGCTACCC 60  
 GCCTCCGGCT GGCTGACGAC GGGCGCCCCC GAGCCGCCGC CGCTGTCCGG AGCCCCACAG 120



GACGGCATCA GAATTAATGT AACTACACTG AAAGATGATG GGGACATATC TAAACAGCAG	180
GTTGTTCTTA ACATAACCTA TGAGAGTGGA CAGGTGTATG TAAATGACTT ACCTGTAAAT	240
AGTGGTGTA CCCGAATAAG CTGTCAGACT TTGATAGTGA AGAATGAAAA TCTTGAAAAAT	300
TTGGAGGAAA AAGAATATTT TGGAATTGTC AGTGTAAGGA TTTTAGTTCA TGAGTGGCCT	360
ATGACATCTG GTTCCAGTTT GCAACTAATT GTCATTCAAG AAGAGGTAGT AGAGATTGAT	420
GGAAAAACAAG TTCAGCAAAA GGATGTCACT GAAATTGATA TTTTAGTTAA GAACCGGGGA	480
GTA CTGAGAC ATTCAA ACTA TACCCTCCCT TTGGAAGAAA GCATGCTCTA CTCTATTTCT	540
CGAGACAGTG ACATTTTATT TACCCTTCCT AACCTCTCCA AAAAAGAAA TGTTAGTTCA	600
CTGCAAAACCA CTAGCCAGTA TCTTATCAGG AATGTGGAAA CCACTGTAGA TGAAGATGTT	660
TTACCTGGCA AGTTACCTGA AACTCCTCTC AGAGCAGAGC CGCCATCTTC ATATAAGGTA	720
ATGTGTCAGT GGATGGAAAA GTTTAGAAAA GATCTGTGTA GGTTCTGGAG CAACGTTTTC	780
CCAGTATTCT TTCAGTTTTT GAACATCATG GTGGTTGGAA TTACAGGAGC AGCTGTGGTA	840
ATAACCATCT TAAAGGTGTT TTTCCAGTT TCTGAATACA AAGGAATTCT TCAGTTGGAT	900
AAAGTGGACG TCATACCTGT GACAGCTATC AACTTATATC CAGATGGTCC AGAGAAAAGA	960
GCTGAAAACC TTGAAGATAA AACATGTATT	990

【0175】

配列番号：48

配列の長さ：324

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：U-2 OS

クローン名：HP10305

配列

ATGAGTCTGA CTTCCAGTTC CAGCGTACGA GTTGAATGGA TCGCAGCAGT TACCATTGCT	60
---	----

GCTGGGACAG CTGCAATTGG TTATCTAGCT TACAAAAGAT TTTATGTTAA AGATCATCGA	120
AATAAAGCTA TGATAAACCT TCACATCCAG AAAGACAACC CCAAGATAGT ACATGCTTTT	180
GACATGGAGG ATTTGGGAGA TAAAGCTGTG TACTGCCGTT GTTGGAGGTC CAAAAAGTTC	240
CCATTCTGTG ATGGGGCTCA CACAAAACAT AACGAAGAGA CTGGAGACAA TGTGGGCCCT	300
CTGATCATCA AGAAAAAAGA AACT	324

【0176】

配列番号：49

配列の長さ：303

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：U-2 OS

クローン名：HP10306

配列

ATGAACCTGG AGCGAGTGTC CAATGAGGAG AAATTGAACC TGTGCCGGAA GTACTACCTG	60
GGGGGGTTTG CTTTCCTGCC TTTTCTCTGG TTGGTCAACA TCTTCTGGTT CTCCGAGAG	120
GCCTTCCTTG TCCCAGCCTA CACAGAACAG AGCCAAATCA AAGGCTATGT CTGGCGCTCA	180
GCTGTGGGCT TCCTCTTCTG GGTGATAGTG CTCACCTCCT GGATCACCAT CTTCCAGATC	240
TACCGGCCCC GCTGGGGTGC CCTTGGGGAC TACCTCTCCT TCACCATACC CCTGGGCACC	300
CCC	303

【0177】

配列番号：50

配列の長さ：1116

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：類表皮癌

セルライン：KB

クローン名：HP10328

配列

ATGAAGTATC TCCGGCACCG GCGGCCCAAT GCCACCCTCA TTCTGGCCAT CGGCGCTTTC	60
ACCCTCCTCC TCTTCAGTCT GCTAGTGTC ACCCCACCT GCAAGGTCCA GGAGCAGCCA	120
CCGGCGATCC CCGAGGCCCT GGCCTGGCCC ACTCCACCCA CCCGCCCAGC CCCGGCCCCG	180
TGCCATGCCA ACACCTCTAT GGTCAACCCAC CCGGACTTCG CCACGCAGCC GCAGCACGTT	240
CAGAACTTCC TCCTGTACAG AACTGCCGC CACTTTCCCC TGCTGCAGGA CGTGCCCCC	300
TCTAAGTGCG CGCAGCCGGT CTCCTGCTG CTGGTGATCA AGTCCTCCCC TAGCAACTAT	360
GTGCGCCGCG AGCTGCTGCG GCGCACGTGG GGCCGCGAGC GCAAGGTACG GGGTTTGCAG	420
CTGCGCCTCC TCTTCCTGGT GGGCACAGCC TCCAACCCGC ACGAGGCCCG CAAGGTCAAC	480
CGGCTGCTGG AGCTGGAGGC ACAGACTCAC GGAGACATCC TGCAGTGGGA CTTCCACGAC	540
TCCTTCTTCA ACCTCACGCT CAAGCAGGTC CTGTTCTTAC AGTGGCAGGA GACAAGGTGC	600
GCCAACGCCA GCTTCGTGCT CAACGGGGAT GATGACGTCT TTGCACACAC AGACAACATG	660
GTCTTCTACC TGCAGGACCA TGACCCTGGC CGCCACCTCT TCGTGGGGCA ACTGATCCAA	720
AACGTGGGCC CCATCCGGGC TTTTGGAGC AAGTACTATG TGCCAGAGGT GGTGACTCAG	780
AATGAGCGGT ACCCACCCTA TTGTGGGGGT GGTGGCTTCT TGCTGTCCCG CTTACGGCC	840
GCTGCCCTGC GCCGTGCTGC CCATGTCTTG GACATCTTCC CCATTGATGA TGTCTTCCTG	900
GGTATGTGTC TGGAGCTTGA GGGACTGAAG CCTGCCTCCC ACAGCGGCAT CCGCACGTCT	960
GGCGTGCGGG CTCCATCGCA ACACCTGTCC TCCTTTGACC CCTGCTTCTA CCGAGACCTG	1020
CTGCTGGTGC ACCGCTTCCT ACCTTATGAG ATGCTGCTCA TGTGGGATGC GCTGAACCAG	1080
CCCAACCTCA CCTGCGGCAA TCAGACACAG ATCTAC	1116

【0178】

配列番号：51

配列の長さ：986

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：繊維肉腫

セルライン：HT-1080

クローン名：HP00442

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：82..699

特徴を決定した方法：E

配列

AGACTGCGGG ACGGACGGTG GACGCTGGGA CGCGTTTGTA GCTCCGGCCC CGCCGTTCCG	60
ACCCCCGCCG CCGTCGCCGC C ATG ACG GGG CTA GCA CTG CTC TAC TCC GGG	111
Met Thr Gly Leu Ala Leu Leu Tyr Ser Gly	
1 5 10	
GTC TTC GTG GCC TTC TGG GCC TGC GCG CTG GCC GTG GGA GTC TGC TAC	159
Val Phe Val Ala Phe Trp Ala Cys Ala Leu Ala Val Gly Val Cys Tyr	
15 20 25	
ACC ATT TTT GAT TTG GGC TTC CGC TTT GAT GTG GCA TGG TTC CTG ACG	207
Thr Ile Phe Asp Leu Gly Phe Arg Phe Asp Val Ala Trp Phe Leu Thr	
30 35 40	
GAG ACT TCG CCC TTC ATG TGG TCC AAC CTG GGC ATT GGC CTA GCT ATC	255
Glu Thr Ser Pro Phe Met Trp Ser Asn Leu Gly Ile Gly Leu Ala Ile	
45 50 55	
TCC CTG TCT GTG GTT GGG GCA GCC TGG GGC ATC TAT ATT ACC GGC TCC	303

Ser Leu Ser Val Val Gly Ala Ala Trp Gly Ile Tyr Ile Thr Gly Ser	
60 65 70	
TCC ATC ATT GGT GGA GGA GTG AAG GCC CCC AGG ATC AAG ACC AAG AAC	351
Ser Ile Ile Gly Gly Gly Val Lys Ala Pro Arg Ile Lys Thr Lys Asn	
75 80 85 90	
CTG GTC AGC ATC ATC TTC TGT GAG GCT GTG GCC ATC TAC GGC ATC ATC	399
Leu Val Ser Ile Ile Phe Cys Glu Ala Val Ala Ile Tyr Gly Ile Ile	
95 100 105	
ATG GCA ATT GTC ATT AGC AAC ATG GCT GAG CCT TTC AGT GCC ACA GAC	447
Met Ala Ile Val Ile Ser Asn Met Ala Glu Pro Phe Ser Ala Thr Asp	
110 115 120	
CCC AAG GCC ATC GGC CAT CGG AAC TAC CAT GCA GGC TAC TCC ATG TTT	495
Pro Lys Ala Ile Gly His Arg Asn Tyr His Ala Gly Tyr Ser Met Phe	
125 130 135	
GGG GCT GGC CTC ACC GTA GGC CTG TCT AAC CTC TTC TGT GGA GTC TGC	543
Gly Ala Gly Leu Thr Val Gly Leu Ser Asn Leu Phe Cys Gly Val Cys	
140 145 150	
GTG GGC ATC GTG GGC AGT GGG GCT GCC CTG GCC GAT GCT CAG AAC CCC	591
Val Gly Ile Val Gly Ser Gly Ala Ala Leu Ala Asp Ala Gln Asn Pro	
155 160 165 170	
AGC CTC TTT GTA AAG ATT CTC ATC GTG GAG ATC TTT GGC AGC GCC ATT	639
Ser Leu Phe Val Lys Ile Leu Ile Val Glu Ile Phe Gly Ser Ala Ile	
175 180 185	
GGC CTC TTT GGG GTC ATC GTC GCA ATT CTT CAG ACC TCC AGA GTG AAG	687
Gly Leu Phe Gly Val Ile Val Ala Ile Leu Gln Thr Ser Arg Val Lys	
190 195 200	
ATG GGT GAC TAGATGATAT GTGTGGGTGG GGCCGTGCCT CACT	730
Met Gly Asp	
205	

TTTATTTATT GCTGGTTTTCT CTGGGACAGC TGGAGCTGTG TCCCTTAGCC TTTCAGAGGC 790  
 TTGGTGTTCA GGGCCCTCCC TGCACTCCCC TCTTGCTGCG TGTGATTG GAGGCACTGC 850  
 AGTCCAGGCC GAGTCCTCAG TCGGGGAGC AGGCTGCTGC TGCTGACTCT GTGCAGCTGC 910  
 GCACCTGTGT CCCCCACCTC CACCCTCAAC CCATCTTCCT AGTGTTTGTG AAATAAACTT 970  
 GGTATTTGTC TGGGTC 986

【0179】

配列番号：52

配列の長さ：1824

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：白血球

クローン名：HP00804

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：133...1248

特徴を決定した方法：E

配列

GGCCCAGCTG AGCGGCCGCC GAGCGGGTGC GGGTGCGGGC GCATCGGCCA TCACCGCGCG 60  
 GCCGCGCAGC GGACACCGTG CGTACCGGCC TCGCGCGCCC GGCCACCGGG GCGGACCGCG 120  
 GAACCCGAGG CC ATG TCC CAT GAA AAG AGT TTT TTG GTG TCT GGG GAC AAC 171

Met Ser His Glu Lys Ser Phe Leu Val Ser Gly Asp Asn

1 5 10

TAT CCT CCC CCC AAC CCT GGA TAT CCG GGG GGG CCC CAG CCA CCC ATG 219

Tyr Pro Pro Pro Asn Pro Gly Tyr Pro Gly Gly Pro Gln Pro Pro Met

15 20 25

CCC CCC TAT GCT CAG CCT CCC TAC CCT GGG GCC CCT TAC CCA CAG CCC	267
Pro Pro Tyr Ala Gln Pro Pro Tyr Pro Gly Ala Pro Tyr Pro Gln Pro	
30 35 40 45	
CCT TTC CAG CCC TCC CCC TAC GGT CAG CCA GGG TAC CCC CAT GGC CCC	315
Pro Phe Gln Pro Ser Pro Tyr Gly Gln Pro Gly Tyr Pro His Gly Pro	
50 55 60	
AGC CCC TAC CCC CAA GGG GGC TAC CCA CAG GGT CCC TAC CCC CAA GGG	363
Ser Pro Tyr Pro Gln Gly Gly Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr Pro Gln Gly	
65 70 75	
GGC TAC CCA CAG GGC CCC TAC CCA CAA GAG GGC TAC CCA CAG GGC CCC	411
Gly Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr Pro Gln Glu Gly Tyr Pro Gln Gly Pro	
80 85 90	
TAC CCC CAA GGG GGC TAC CCC CAG GGG CCA TAT CCC CAG AGC CCC TTC	459
Tyr Pro Gln Gly Gly Tyr Pro Gln Gly Pro Tyr Pro Gln Ser Pro Phe	
95 100 105	
CCC CCC AAC CCC TAT GGA CAG CCA CAG GTC TTC CCA GGA CAA GAC CCT	507
Pro Pro Asn Pro Tyr Gly Gln Pro Gln Val Phe Pro Gly Gln Asp Pro	
110 115 120 125	
GAC TCA CCC CAG CAT GGA AAC TAC CAG GAG GAG GGT CCC CCA TCC TAC	555
Asp Ser Pro Gln His Gly Asn Tyr Gln Glu Glu Gly Pro Pro Ser Tyr	
130 135 140	
TAT GAC AAC CAG GAC TTC CCT GCC ACC AAC TGG GAT GAC AAG AGC ATC	603
Tyr Asp Asn Gln Asp Phe Pro Ala Thr Asn Trp Asp Asp Lys Ser Ile	
145 150 155	
CGA CAG GCC TTC ATC CGC AAG GTG TTC CTA GTG CTG ACC TTG CAG CTG	651
Arg Gln Ala Phe Ile Arg Lys Val Phe Leu Val Leu Thr Leu Gln Leu	
160 165 170	
TCG GTG ACC CTG TCC ACG GTG TCT GTG TTC ACT TTT GTT GCG GAG GTG	699
Ser Val Thr Leu Ser Thr Val Ser Val Phe Thr Phe Val Ala Glu Val	

175	180	185	
AAG GGC TTT GTC CGG GAG AAT GTC TGG ACC TAC TAT GTC TCC TAT GCT			747
Lys Gly Phe Val Arg Glu Asn Val Trp Thr Tyr Tyr Val Ser Tyr Ala			
190	195	200	205
GTC TTC TTC ATC TCT CTC ATC GTC CTC AGC TGT TGT GGG GAC TTC CGG			795
Val Phe Phe Ile Ser Leu Ile Val Leu Ser Cys Cys Gly Asp Phe Arg			
210	215	220	
CGA AAG CAC CCC TGG AAC CTT GTT GCA CTG TCG GTC CTG ACC GCC AGC			843
Arg Lys His Pro Trp Asn Leu Val Ala Leu Ser Val Leu Thr Ala Ser			
225	230	235	
CTG TCG TAC ATG GTG GGG ATG ATC GCC AGC TTC TAC AAC ACC GAG GCA			891
Leu Ser Tyr Met Val Gly Met Ile Ala Ser Phe Tyr Asn Thr Glu Ala			
240	245	250	
GTC ATC ATG GCC GTG GGC ATC ACC ACA GCC GTC TGC TTC ACC GTC GTC			939
Val Ile Met Ala Val Gly Ile Thr Thr Ala Val Cys Phe Thr Val Val			
255	260	265	
ATC TTC TCC ATG CAG ACC CGC TAC GAC TTC ACC TCA TGC ATG GGC GTG			987
Ile Phe Ser Met Gln Thr Arg Tyr Asp Phe Thr Ser Cys Met Gly Val			
270	275	280	285
CTC CTG GTG AGC ATG GTG GTG CTC TTC ATC TTC GCC ATT CTC TGC ATC			1035
Leu Leu Val Ser Met Val Val Leu Phe Ile Phe Ala Ile Leu Cys Ile			
290	295	300	
TTC ATC CGG AAC CGC ATC CTG GAG ATC GTG TAC GCC TCA CTG GGC GCT			1083
Phe Ile Arg Asn Arg Ile Leu Glu Ile Val Tyr Ala Ser Leu Gly Ala			
305	310	315	
CTG CTC TTC ACC TGC TTC CTC GCA GTG GAC ACC CAG CTG CTG CTG GGG			1131
Leu Leu Phe Thr Cys Phe Leu Ala Val Asp Thr Gln Leu Leu Leu Gly			
320	325	330	
AAC AAG CAG CTG TCC CTG AGC CCA GAA GAG TAT GTG TTT GCT GCG CTG			1179



Asn Lys Gln Leu Ser Leu Ser Pro Glu Glu Tyr Val Phe Ala Ala Leu  
 335 340 345  
 AAC CTG TAC ACA GAC ATC ATC AAC ATC TTC CTG TAC ATC CTC ACC ATC 1227  
 Asn Leu Tyr Thr Asp Ile Ile Asn Ile Phe Leu Tyr Ile Leu Thr Ile  
 350 355 360 365  
 ATT GGC CGC GCC AAG GAG TAGCCGAGCT CCAGCTCGCT GTGCC 1270  
 Ile Gly Arg Ala Lys Glu  
 370  
 CGCTCAGGTG GCACGGCTGG CCTGGACCCCT GCCCCTGGCA CGGCAGTGCC AGCTGTACTT 1330  
 CCCCTCTCTC TTGTCCCCAG GCACAGCCTA GGGAAAAGGA TGCCTCTCTC CAACCCTCCT 1390  
 GTATGTACAC TGCAGATACT TCCATTGGA CCCGCTGTGG CCACAGCATG GCCCCTTTAG 1450  
 TCCTCCCGCC CCCGCCAAGG GGCACCAAGG CCACGTTTCC GTGCCACCTC CTGTCTACTC 1510  
 ATTGTTGCAT GAGCCCTGTC TGCCAGCCCA CCCAGGGAC TGGGGGCAGC ACCAGGTCCC 1570  
 GGGGAGAGGG ATTGAGCCAA GAGGTGAGGG TGCACGTCTT CCCTCCTGTC CCAGCTCCCC 1630  
 AGCCTGGCGT AGAGCACCCC TCCCCTCCCC CCCACCCCCC TGGAGTGCTG CCCTCTGGGG 1690  
 ACATGCGGAG TGGGGGTCTT ATCCCTGTGC TGAGCCCTGA GGGCAGAGAG GATGGCATGT 1750  
 TTCAGGGGAG GGGGAAGCCT TCCTCTCAAT TTGTTGTCAG TGAAATTCCA ATAAATGGGA 1810  
 TTTGCTCTCT GCCT 1824

【0180】

配列番号：53

配列の長さ：1076

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP01098

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：62..601

特徴を決定した方法：E

配列

AGTTCGCCC GCTGGTCATC GCGCCCTTTC CCCTGCCGGT GTCCTGCTCG CCGTCCCCGC	60
C ATG CTG TCT CTA GAC TTT TTG GAC GAT GTG CGG CGG ATG AAC AAG CGG	109
Met Leu Ser Leu Asp Phe Leu Asp Asp Val Arg Arg Met Asn Lys Arg	
1 5 10 15	
CAG CTC TAT TAT CAA GTC CTA AAT TTT GGA ATG ATT GTC TCA TCG GCA	157
Gln Leu Tyr Tyr Gln Val Leu Asn Phe Gly Met Ile Val Ser Ser Ala	
20 25 30	
CTA ATG ATC TGG AAG GGG TTA ATG GTA ATA ACT GGA AGT GAA AGT CCG	205
Leu Met Ile Trp Lys Gly Leu Met Val Ile Thr Gly Ser Glu Ser Pro	
35 40 45	
ATT GTA GTG GTG CTC AGT GGC AGC ATG GAA CCT GCA TTT CAT AGA GGA	253
Ile Val Val Val Leu Ser Gly Ser Met Glu Pro Ala Phe His Arg Gly	
50 55 60	
GAT CTT CTC TTT CTA ACA AAT CGA GTT GAA GAT CCC ATA CGA GTG GGA	301
Asp Leu Leu Phe Leu Thr Asn Arg Val Glu Asp Pro Ile Arg Val Gly	
65 70 75 80	
GAA ATT GTT GTT TTT AGG ATA GAA GGA AGA GAG ATT CCT ATA GTT CAC	349
Glu Ile Val Val Phe Arg Ile Glu Gly Arg Glu Ile Pro Ile Val His	
85 90 95	
CGA GTC TTG AAG ATT CAT GAA AAG CAA AAT GGG CAT ATC AAG TTT TTG	397
Arg Val Leu Lys Ile His Glu Lys Gln Asn Gly His Ile Lys Phe Leu	
100 105 110	
ACC AAA GGA GAT AAT AAT GCG GTT GAT GAC CGA GGC CTC TAT AAA CAA	445
Thr Lys Gly Asp Asn Asn Ala Val Asp Asp Arg Gly Leu Tyr Lys Gln	

115	120	125	
GGA CAA CAT TGG CTA GAG AAA AAA GAT GTT GTG GGG AGA GCC AGG GGA			493
Gly Gln His Trp Leu Glu Lys Lys Asp Val Val Gly Arg Ala Arg Gly			
130	135	140	
TTT GTT CCT TAT ATT GGA ATT GTG ACG ATC CTC ATG AAT GAC TAT CCT			541
Phe Val Pro Tyr Ile Gly Ile Val Thr Ile Leu Met Asn Asp Tyr Pro			
145	150	155	160
AAA TTT AAG TAT GCA GTT CTC TTT TTG CTG GGT TTA TTC GTG CTG GTT			589
Lys Phe Lys Tyr Ala Val Leu Phe Leu Leu Gly Leu Phe Val Leu Val			
165	170	175	
CAT CGT GAG TA AGAAGCC TGCCTTGCTG TTCCTGGGAA GAT			630
His Arg Glu			
GCCATAGTTT TCGTTACTGG ATGTTTGGAG TAGATACTGG TCTGTGATTG GTGGAATGGA			690
GAACACACGT GTTGGTGCTT CTGGGTAGCA CTGGTTTGCA TTAGTTTATG TTTCCATGCC			750
AGAGTTTGTG TGGGCGGGCG CATGTGCACC ACAGAGTGCA CTCGAGGGGA CTTTCAGTCA			810
CAGGATTTCA TAATTGTCAT TGTCACACTT TCAAATTTTT GTACATCAGT GAATTTTTTTT			870
ATATTAAGG GTTGAGCCAA AGCCCCAGT GTTTGTATTT TGAAGCCAAG CTTCACCTCT			930
AAAGTGCCTA CAGAGACTTG TAAATGAAAA TGCAGCTCTG CACGAGTTTG AAACCGTCAT			990
ACCTCCTTCT ATTAGGAATG GCATATACTG AGGTGGTCGT AAGTCTTAAC TTCTAAAATT			1050
TTAAATAAAA GACTTTGCAC ATTGAG			1076

【0181】

配列番号：54

配列の長さ：1591

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP01148

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：102..1145

特徴を決定した方法：E

配列

GTCCCTCCTC TTAACATACT TGCAGCTAAA ACTAAATATT GCTGCTTGGG GACCTCCTTC	60
TAGCCTTAAA TTTCAGCTCA TCACCTTCAC CTGCCTTGGT C ATG GCT CTG CTA TTC	116
Met Ala Leu Leu Phe	
1 5	
TCC TTG ATC CTT GCC ATT TGC ACC AGA CCT GGA TTC CTA GCG TCT CCA	164
Ser Leu Ile Leu Ala Ile Cys Thr Arg Pro Gly Phe Leu Ala Ser Pro	
10 15 20	
TCT GGA GTG CGG CTG GTG GGG GGC CTC CAC CGC TGT GAA GGG CGG GTG	212
Ser Gly Val Arg Leu Val Gly Gly Leu His Arg Cys Glu Gly Arg Val	
25 30 35	
GAG GTG GAA CAG AAA GGC CAG TGG GGC ACC GTG TGT GAT GAC GGC TGG	260
Glu Val Glu Gln Lys Gly Gln Trp Gly Thr Val Cys Asp Asp Gly Trp	
40 45 50	
GAC ATT AAG GAC GTG GCT GTG TTG TGC CGG GAG CTG GGC TGT GGA GCT	308
Asp Ile Lys Asp Val Ala Val Leu Cys Arg Glu Leu Gly Cys Gly Ala	
55 60 65	
GCC AGC GGA ACC CCT AGT GGT ATT TTG TAT GAG CCA CCA GCA GAA AAA	356
Ala Ser Gly Thr Pro Ser Gly Ile Leu Tyr Glu Pro Pro Ala Glu Lys	
70 75 80 85	
GAG CAA AAG GTC CTC ATC CAA TCA GTC AGT TGC ACA GGA ACA GAA GAT	404
Glu Gln Lys Val Leu Ile Gln Ser Val Ser Cys Thr Gly Thr Glu Asp	

90	95	100	
ACA TTG GCT CAG TGT GAG CAA GAA GAA GTT TAT GAT TGT TCA CAT GAA			452
Thr Leu Ala Gln Cys Glu Gln Glu Glu Val Tyr Asp Cys Ser His Glu			
105	110	115	
GAA GAT GCT GGG GCA TCG TGT GAG AAC CCA GAG AGC TCT TTC TCC CCA			500
Glu Asp Ala Gly Ala Ser Cys Glu Asn Pro Glu Ser Ser Phe Ser Pro			
120	125	130	
GTC CCA GAG GGT GTC AGG CTG GCT GAC GGC CCT GGG CAT TGC AAG GGA			548
Val Pro Glu Gly Val Arg Leu Ala Asp Gly Pro Gly His Cys Lys Gly			
135	140	145	
CGC GTG GAA GTG AAG CAC CAG AAC CAG TGG TAT ACC GTG TGC CAG ACA			596
Arg Val Glu Val Lys His Gln Asn Gln Trp Tyr Thr Val Cys Gln Thr			
150	155	160	165
GGC TGG AGC CTC CGG GCC GCA AAG GTG GTG TGC CGG CAG CTG GGA TGT			644
Gly Trp Ser Leu Arg Ala Ala Lys Val Val Cys Arg Gln Leu Gly Cys			
170	175	180	
GGG AGG GCT GTA CTG ACT CAA AAA CGC TGC AAC AAG CAT GCC TAT GGC			692
Gly Arg Ala Val Leu Thr Gln Lys Arg Cys Asn Lys His Ala Tyr Gly			
185	190	195	
CGA AAA CCC ATC TGG CTG AGC CAG ATG TCA TGC TCA GGA CGA GAA GCA			740
Arg Lys Pro Ile Trp Leu Ser Gln Met Ser Cys Ser Gly Arg Glu Ala			
200	205	210	
ACC CTT CAG GAT TGC CCT TCT GGG CCT TGG GGG AAG AAC ACC TGC AAC			788
Thr Leu Gln Asp Cys Pro Ser Gly Pro Trp Gly Lys Asn Thr Cys Asn			
215	220	225	
CAT GAT GAA GAC ACG TGG GTC GAA TGT GAA GAT CCC TTT GAC TTG AGA			836
His Asp Glu Asp Thr Trp Val Glu Cys Glu Asp Pro Phe Asp Leu Arg			
230	235	240	245
CTA GTA GGA GGA GAC AAC CTC TGC TCT GGG CGA CTG GAG GTG CTG CAC			884

Leu Val Gly Gly Asp Asn Leu Cys Ser Gly Arg Leu Glu Val Leu His	
250 255 260	
AAG GGC GTA TGG GGC TCT GTC TGT GAT GAC AAC TGG GGA GAA AAG GAG	932
Lys Gly Val Trp Gly Ser Val Cys Asp Asp Asn Trp Gly Glu Lys Glu	
265 270 275	
GAC CAG GTG GTA TGC AAG CAA CTG GGC TGT GGG AAG TCC CTC TCT CCC	980
Asp Gln Val Val Cys Lys Gln Leu Gly Cys Gly Lys Ser Leu Ser Pro	
280 285 290	
TCC TTC AGA GAC CGG AAA TGC TAT GGC CCT GGG GTT GGC CGC ATC TGG	1028
Ser Phe Arg Asp Arg Lys Cys Tyr Gly Pro Gly Val Gly Arg Ile Trp	
295 300 305	
CTG GAT AAT GTT CGT TGC TCA GGG GAG GAG CAG TCC CTG GAG CAG TGC	1076
Leu Asp Asn Val Arg Cys Ser Gly Glu Glu Gln Ser Leu Glu Gln Cys	
310 315 320 325	
CAG CAC AGA TTT TGG GGG TTT CAC GAC TGC ACC CAC CAG GAA GAT GTG	1124
Gln His Arg Phe Trp Gly Phe His Asp Cys Thr His Gln Glu Asp Val	
330 335 340	
GCT GTC ATC TGC TCA GGA TAGTATCCTG GTGTTGCTTG ACCTGGCC	1170
Ala Val Ile Cys Ser Gly	
345	
CCCCTGGCCC CGCCTGCCCT CTGCTTGTTT TCCTGAGCCC TGATTATCCT CATACTCATT	1230
CTGGGGCTCA GGCTTGAGCC ACTACTCCCT CATCCCCTCA GGAGTCTGAA CACTGGGCTT	1290
ATGCCTTACT CTCAGGGACA AGCAGCCCCC ATTGCTGCCT GTAGATGTGA GCTGTTGAGT	1350
TCCCTCTTGC TGGGGAAGAT GAGCTTCCAT GTATCCTGTG CTCAACCCTG ACCCTTTGAC	1410
ACTGGTTCTG GCCTTTCTCTG CCTTTTCTCA AGCTGCCTGG AATCCTCAAA CCTGTCACTT	1470
TGGTCAGATG TGCAGACCAT TACTAAGGTC TATGTCTGCA AACATTACTA ATCTAGGTCC	1530
TATTACTAAT CTATGTCTGC AAACATTAAA GGAATGAAAC AATGAAAGGA ACATTGAAA	1590
G	1591

【0182】

配列番号：55

配列の長さ：1888

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP01293

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：90..1754

特徴を決定した方法：E

配列

CCTTTTCAAA GATCTCTGAG GGAGACATTG CACCTGGCCA CTGCAGCCCA GAGCAGGTCT	60
GGCCACGGCC ATGAGCATGC TGAGCCATC ATG CCC ACC GTG GAT GAC ATT CTG	113
Met Pro Thr Val Asp Asp Ile Leu	
1 5	
GAG CAG GTT GGG GAG TCT GGC TGG TTC CAG AAG CAA GCC TTC CTC ATC	161
Glu Gln Val Gly Glu Ser Gly Trp Phe Gln Lys Gln Ala Phe Leu Ile	
10 15 20	
TTA TGC CTG CTG TCG GCT GCC TTT GCG CCC ATC TGT GTG GGC ATC GTC	209
Leu Cys Leu Leu Ser Ala Ala Phe Ala Pro Ile Cys Val Gly Ile Val	
25 30 35 40	
TTC CTG GGT TTC ACA CCT GAC CAC CAC TGC CAG AGT CCT GGG GTG GCT	257
Phe Leu Gly Phe Thr Pro Asp His His Cys Gln Ser Pro Gly Val Ala	
45 50 55	
GAG CTG AGC CAG CGC TGT GGC TGG AGC CCT GCG GAG GAG CTG AAC TAT	305

Glu	Leu	Ser	Gln	Arg	Cys	Gly	Trp	Ser	Pro	Ala	Glu	Glu	Leu	Asn	Tyr	
60				65				70								
ACA	GTG	CCA	GGC	CTG	GGG	CCC	GCG	GGC	GAG	GCC	TTC	CTT	GGC	CAG	TGC	353
Thr	Val	Pro	Gly	Leu	Gly	Pro	Ala	Gly	Glu	Ala	Phe	Leu	Gly	Gln	Cys	
75				80				85								
AGG	CGC	TAT	GAA	GTG	GAC	TGG	AAC	CAG	AGC	GCC	CTC	AGC	TGT	GTA	GAC	401
Arg	Arg	Tyr	Glu	Val	Asp	Trp	Asn	Gln	Ser	Ala	Leu	Ser	Cys	Val	Asp	
90				95				100								
CCC	CTG	GCT	AGC	CTG	GCC	ACC	AAC	AGG	AGC	CAC	CTG	CCG	CTG	GGT	CCC	449
Pro	Leu	Ala	Ser	Leu	Ala	Thr	Asn	Arg	Ser	His	Leu	Pro	Leu	Gly	Pro	
105				110				115				120				
TGC	CAG	GAT	GGC	TGG	GTG	TAT	GAC	ACG	CCC	GGC	TCT	TCC	ATC	GTC	ACT	497
Cys	Gln	Asp	Gly	Trp	Val	Tyr	Asp	Thr	Pro	Gly	Ser	Ser	Ile	Val	Thr	
125				130				135								
GAG	TTC	AAC	CTG	GTG	TGT	GCT	GAC	TCC	TGG	AAG	CTG	GAC	CTC	TTT	CAG	545
Glu	Phe	Asn	Leu	Val	Cys	Ala	Asp	Ser	Trp	Lys	Leu	Asp	Leu	Phe	Gln	
140				145				150								
TCC	TGT	TTG	AAT	GCG	GGC	TTC	TTC	TTT	GGC	TCT	CTC	GGT	GTT	GGC	TAC	593
Ser	Cys	Leu	Asn	Ala	Gly	Phe	Phe	Phe	Gly	Ser	Leu	Gly	Val	Gly	Tyr	
155				160				165								
TTT	GCA	GAC	AGG	TTT	GGC	CGT	AAG	CTG	TGT	CTC	CTG	GGA	ACT	GTG	CTG	641
Phe	Ala	Asp	Arg	Phe	Gly	Arg	Lys	Leu	Cys	Leu	Leu	Gly	Thr	Val	Leu	
170				175				180								
GTC	AAC	GCG	GTG	TCG	GGC	GTG	CTC	ATG	GCC	TTC	TCG	CCC	AAC	TAC	ATG	689
Val	Asn	Ala	Val	Ser	Gly	Val	Leu	Met	Ala	Phe	Ser	Pro	Asn	Tyr	Met	
185				190				195				200				
TCC	ATG	CTG	CTC	TTC	CGC	CTG	CTG	CAG	GGC	CTG	GTC	AGC	AAG	GGC	AAC	737
Ser	Met	Leu	Leu	Phe	Arg	Leu	Leu	Gln	Gly	Leu	Val	Ser	Lys	Gly	Asn	
205				210				215								



TGG ATG GCT GGC TAC ACC CTA ATC ACA GAA TTT GTT GGC TCG GGC TCC	785
Trp Met Ala Gly Tyr Thr Leu Ile Thr Glu Phe Val Gly Ser Gly Ser	
220 225 230	
AGA AGA ACG GTG GCG ATC ATG TAC CAG ATG GCC TTC ACG GTG GGG CTG	833
Arg Arg Thr Val Ala Ile Met Tyr Gln Met Ala Phe Thr Val Gly Leu	
235 240 245	
GTG GCG CTT ACC GGG CTG GCC TAC GCC CTG CCT CAC TGG CGC TGG CTG	881
Val Ala Leu Thr Gly Leu Ala Tyr Ala Leu Pro His Trp Arg Trp Leu	
250 255 260	
CAG CTG GCA GTC TCC CTG CCC ACC TTC CTC TTC CTG CTC TAC TAC TGG	929
Gln Leu Ala Val Ser Leu Pro Thr Phe Leu Phe Leu Leu Tyr Tyr Trp	
265 270 275 280	
TGT GTG CCG GAG TCC CCT CGG TGG CTG TTA TCA CAA AAA AGA AAC ACT	977
Cys Val Pro Glu Ser Pro Arg Trp Leu Leu Ser Gln Lys Arg Asn Thr	
285 290 295	
GAA GCA ATA AAG ATA ATG GAC CAC ATC GCT CAA AAG AAT GGG AAG TTG	1025
Glu Ala Ile Lys Ile Met Asp His Ile Ala Gln Lys Asn Gly Lys Leu	
300 305 310	
CCT CCT GCT GAT TTA AAG ATG CTT TCC CTC GAA GAG GAT GTC ACC GAA	1073
Pro Pro Ala Asp Leu Lys Met Leu Ser Leu Glu Glu Asp Val Thr Glu	
315 320 325	
AAG CTG AGC CCT TCA TTT GCA GAC CTG TTC CGC ACG CCG CGC CTG AGG	1121
Lys Leu Ser Pro Ser Phe Ala Asp Leu Phe Arg Thr Pro Arg Leu Arg	
330 335 340	
AAG CGC ACC TTC ATC CTG ATG TAC CTG TGG TTC ACG GAC TCT GTG CTC	1169
Lys Arg Thr Phe Ile Leu Met Tyr Leu Trp Phe Thr Asp Ser Val Leu	
345 350 355 360	
TAT CAG GGG CTC ATC CTG CAC ATG GGC GCC ACC AGC GGG AAC CTC TAC	1217
Tyr Gln Gly Leu Ile Leu His Met Gly Ala Thr Ser Gly Asn Leu Tyr	

365	370	375	
CTG GAT TTC CTT TAC TCC GCT CTG GTC GAA ATC CCG GGG GCC TTC ATA			1265
Leu Asp Phe Leu Tyr Ser Ala Leu Val Glu Ile Pro Gly Ala Phe Ile			
380	385	390	
GCC CTC ATC ACC ATT GAC CGC GTG GGC CGC ATC TAC CCC ATG GCC GTG			1313
Ala Leu Ile Thr Ile Asp Arg Val Gly Arg Ile Tyr Pro Met Ala Val			
395	400	405	
TCA AAT TTG TTG GCG GGG GCA GCC TGC CTC GTC ATG ATT TTT ATC TCA			1361
Ser Asn Leu Leu Ala Gly Ala Ala Cys Leu Val Met Ile Phe Ile Ser			
410	415	420	
CCT GAC CTG CAC TGG TTA AAC ATC ATA ATC ATG TGT GTT GGC CGA ATG			1409
Pro Asp Leu His Trp Leu Asn Ile Ile Ile Met Cys Val Gly Arg Met			
425	430	435	440
GGA ATC ACC ATT GCA ATA CAA ATG ATC TGC CTG GTG AAT GCT GAG CTG			1457
Gly Ile Thr Ile Ala Ile Gln Met Ile Cys Leu Val Asn Ala Glu Leu			
445	450	455	
TAC CCC ACA TTC GTC AGG AAC CTC GGA GTG ATG GTG TGT TCC TCC CTG			1505
Tyr Pro Thr Phe Val Arg Asn Leu Gly Val Met Val Cys Ser Ser Leu			
460	465	470	
TGT GAC ATA GGT GGG ATA ATC ACC CCC TTC ATA GTC TTC AGG CTG AGG			1553
Cys Asp Ile Gly Gly Ile Ile Thr Pro Phe Ile Val Phe Arg Leu Arg			
475	480	485	
GAG GTC TGG CAA GCC TTG CCC CTC ATT TTG TTT GCG GTG TTG GGC CTG			1601
Glu Val Trp Gln Ala Leu Pro Leu Ile Leu Phe Ala Val Leu Gly Leu			
490	495	500	
CTT GCC GCG GGA GTG ACG CTA CTT CTT CCA GAG ACC AAG GGG GTC GCT			1649
Leu Ala Ala Gly Val Thr Leu Leu Leu Pro Glu Thr Lys Gly Val Ala			
505	510	515	520
TTG CCA GAG ACC ATG AAG GAC GCC GAG AAC CTT GGG AGA AAA GCA AAG			1697

Leu Pro Glu Thr Met Lys Asp Ala Glu Asn Leu Gly Arg Lys Ala Lys  
 525 530 535  
 CCC AAA GAA AAC ACG ATT TAC CTT AAG GTC CAA ACC TCA GAA CCC TCG 1745  
 Pro Lys Glu Asn Thr Ile Tyr Leu Lys Val Gln Thr Ser Glu Pro Ser  
 540 545 550  
 GGC ACC TGAGAGAGAT GTTTTGCGGC GATGTCGTGT TGGAGGGATG AAGATGGAG 1800  
 Gly Thr

TTATCCTCTG CAGAAATTCC TAGACGCCTT CACTTCTCTG TATTCTTCCT CATACTTGCC 1860  
 TACCCCCAAA TTAATATCAG TCCTAAAG 1888

【0183】

配列番号：56

配列の長さ：2033

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：類表皮癌

セルライン：KB

クローン名：HP10013

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：97..1149

特徴を決定した方法：E

配列

GAGTCCGAGC GCGTCACCTC CTCACGCTGC GGCTGTCGCC CGTGTCCTCGC CGGCCCGTTC 60  
 CGTGTCGCC CGCAGTGCTG CGGCCGCCGC GGCACC ATG GCT GTG TTT GTC GTG 114

Met Ala Val Phe Val Val																
1										5						
CTC	CTG	GCG	TTG	GTG	GCG	GGT	GTT	TTG	GGG	AAC	GAG	TTT	AGT	ATA	TTA	162
Leu	Leu	Ala	Leu	Val	Ala	Gly	Val	Leu	Gly	Asn	Glu	Phe	Ser	Ile	Leu	
10					15					20						
AAA	TCA	CCA	GGG	TCT	GTT	GTT	TTC	CGA	AAT	GGA	AAT	TGG	CCT	ATA	CCA	210
Lys	Ser	Pro	Gly	Ser	Val	Val	Phe	Arg	Asn	Gly	Asn	Trp	Pro	Ile	Pro	
25					30					35						
GGA	GAG	CGG	ATC	CCA	GAC	GTG	GCT	GCA	TTG	TCC	ATG	GGC	TTC	TCT	GTG	258
Gly	Glu	Arg	Ile	Pro	Asp	Val	Ala	Ala	Leu	Ser	Met	Gly	Phe	Ser	Val	
40					45					50						
AAA	GAA	GAC	CTT	TCT	TGG	CCA	GGA	CTC	GCA	GTG	GGT	AAC	CTG	TTT	CAT	306
Lys	Glu	Asp	Leu	Ser	Trp	Pro	Gly	Leu	Ala	Val	Gly	Asn	Leu	Phe	His	
55					60					65					70	
CGT	CCT	CGG	GCT	ACC	GTC	ATG	GTG	ATG	GTG	AAG	GGA	GTG	AAC	AAA	CTG	354
Arg	Pro	Arg	Ala	Thr	Val	Met	Val	Met	Val	Lys	Gly	Val	Asn	Lys	Leu	
75					80					85						
GCT	CTA	CCC	CCA	GGC	AGT	GTC	ATT	TCG	TAC	CCT	TTG	GAG	AAT	GCA	GTT	402
Ala	Leu	Pro	Pro	Gly	Ser	Val	Ile	Ser	Tyr	Pro	Leu	Glu	Asn	Ala	Val	
90					95					100						
CCT	TTT	AGT	CTT	GAC	AGT	GTT	GCA	AAT	TCC	ATT	CAC	TCC	TTA	TTT	TCT	450
Pro	Phe	Ser	Leu	Asp	Ser	Val	Ala	Asn	Ser	Ile	His	Ser	Leu	Phe	Ser	
105					110					115						
GAG	GAA	ACT	CCT	GTT	GTT	TTG	CAG	TTG	GCT	CCC	AGT	GAG	GAA	AGA	GTG	498
Glu	Glu	Thr	Pro	Val	Val	Leu	Gln	Leu	Ala	Pro	Ser	Glu	Glu	Arg	Val	
120					125					130						
TAT	ATG	GTA	GGG	AAG	GCA	AAC	TCA	GTG	TTT	GAA	GAC	CTT	TCA	GTC	ACC	546
Tyr	Met	Val	Gly	Lys	Ala	Asn	Ser	Val	Phe	Glu	Asp	Leu	Ser	Val	Thr	
135					140					145					150	

TTG CGC CAG CTC CGT AAT CGC CTG TTT CAA GAA AAC TCT GTT CTC AGT	594
Leu Arg Gln Leu Arg Asn Arg Leu Phe Gln Glu Asn Ser Val Leu Ser	
155 160 165	
TCA CTC CCC CTC AAT TCT CTG AGT AGG AAC AAT GAA GTT GAC CTG CTC	642
Ser Leu Pro Leu Asn Ser Leu Ser Arg Asn Asn Glu Val Asp Leu Leu	
170 175 180	
TTT CTT TCT GAA CTG CAA GTG CTA CAT GAT ATT TCA AGC TTG CTG TCT	690
Phe Leu Ser Glu Leu Gln Val Leu His Asp Ile Ser Ser Leu Leu Ser	
185 190 195	
CGT CAT AAG CAT CTA GCC AAG GAT CAT TCT CCT GAT TTA TAT TCA CTG	738
Arg His Lys His Leu Ala Lys Asp His Ser Pro Asp Leu Tyr Ser Leu	
200 205 210	
GAG CTG GCA GGT TTG GAT GAA ATT GGG AAG CGT TAT GGG GAA GAC TCT	786
Glu Leu Ala Gly Leu Asp Glu Ile Gly Lys Arg Tyr Gly Glu Asp Ser	
215 220 225 230	
GAA CAA TTC AGA GAT GCT TCT AAG ATC CTT GTT GAC GCT CTG CAA AAG	834
Glu Gln Phe Arg Asp Ala Ser Lys Ile Leu Val Asp Ala Leu Gln Lys	
235 240 245	
TTT GCA GAT GAC ATG TAC AGT CTT TAT GGT GGG AAT GCA GTG GTA GAG	882
Phe Ala Asp Asp Met Tyr Ser Leu Tyr Gly Gly Asn Ala Val Val Glu	
250 255 260	
TTA GTC ACT GTC AAG TCA TTT GAC ACC TCC CTC ATT AGG AAG ACA AGG	930
Leu Val Thr Val Lys Ser Phe Asp Thr Ser Leu Ile Arg Lys Thr Arg	
265 270 275	
ACT ATC CTT GAG GCA AAA CAA GCG AAG AAC CCA GCA AGT CCC TAT AAC	978
Thr Ile Leu Glu Ala Lys Gln Ala Lys Asn Pro Ala Ser Pro Tyr Asn	
280 285 290	
CTT GCA TAT AAG TAT AAT TTT GAA TAT TCC GTG GTT TTC AAC ATG GTA	1026
Leu Ala Tyr Lys Tyr Asn Phe Glu Tyr Ser Val Val Phe Asn Met Val	

295	300	305	310	
CTT TGG ATA ATG ATC GCC TTG GCC TTG GCT GTG ATT ATC ACC TCT TAC				1074
Leu Trp Ile Met Ile Ala Leu Ala Leu Ala Val Ile Ile Thr Ser Tyr				
	315	320	325	
AAT ATT TGG AAC ATG GAT CCT GGA TAT GAT AGC ATC ATT TAT AGG ATG				1122
Asn Ile Trp Asn Met Asp Pro Gly Tyr Asp Ser Ile Ile Tyr Arg Met				
	330	335	340	
ACA AAC CAG AAG ATT CGA ATG GAT TGAATGTTAC CTGTGCCAGA ATTA				1170
Thr Asn Gln Lys Ile Arg Met Asp				
	345	350		
GAAAAGGGGG TTGAAATTG GCTGTTTTGT TAAATATAT CTTTAGTGT GCTTAAAGT				1230
AGATAGTATA CTTTACATTT ATAAAAAAAA ATCAAATTTT GTTCTTTATT TTGTGTGTGC				1290
CTGTGATGTT TTTCTAGAGT GAATTATAGT ATTGACGTGA ATCCCACTGT GGTATAGATT				1350
CCATAATATG CTTGAATATT ATGATATAGC CATTTAATAA CATTGATTTC ATTCTGTTTA				1410
ATGAATTTGG AAATATGCAC TGAAAGAAAT GTAAACATT TAGAATAGCT CGTGTTATGG				1470
AAAAAAGTGC ACTGAATTTA TTAGACAAAC TTACGAATGC TTAACCTCTT TACACAGCAT				1530
AGGTGAAAAT CATATTTGGG CTATTGTATA CTATGAACAA TTTGTAAATG TCTTAATTTG				1590
ATGTAAATAA CTCTGAAACA AGAGAAAAGG TTTTAACTT AGAGTAGCCC TAAATATGG				1650
ATGTGCTTAT ATAATCGCTT AGTTTTGGAA CTGTATCTGA GTAACAGAGG ACAGCTGTTT				1710
TTTAACCCCTC TTCTGCAAGT TTGTTGACCT ACATGGGCTA ATATGGATAC TAAAAATACT				1770
ACATTGATCT AAGAAGAAAC TAGCCTTGTG GAGTATATAG ATGCTTTTCA TTATACACAC				1830
AAAAATCCCT GAGGGACATT TTGAGGCATG AATATAAAAC ATTTTATTT CAGTAACTTT				1890
TCCCCCTGTG TAAGTTACTA TGGTTTGTGG TACAACCTCA TTCTATAGAA TATTAAGTGG				1950
AAGTGGGTGA ATTCTACTTT TTATGTTGGA GTGGACCAAT GTCTATCAAG AGTGACAAAT				2010
AAAGTTAATG ATGATTCCAA AAC				2033

【0184】

配列番号：57

配列の長さ：911

配列の型：核酸

鎖の数： 二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：繊維肉腫

セルライン：HT-1080

クローン名：HP10034

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：176..805

特徴を決定した方法：E

配列

ACGCCTGGGT GACCTCTACG TATATACAGA GCCTCCCTGG CCCTCCTGGA AAGAGTCCTG	60
GAAAGACAAC CTTCAGGTCC AGCCCTGGAG CTGGAGGAGT GGAGCCCCAC TCTGAAGACG	120
CAGCCTTTCT CCAGGTTCTG TCTCTCCCAT TCTGATTCTT GACACCAGAT GCAGG ATG	178
	Met
	1
GTG TCC TCT CCC TGC ACG CAG GCA AGC TCA CGG ACT TGC TCC CGT ATC	226
Val Ser Ser Pro Cys Thr Gln Ala Ser Ser Arg Thr Cys Ser Arg Ile	
5 10 15	
CTG GGA CTG AGC CTT GGG ACT GCA GCC CTG TTT GCT GCT GGG GCC AAC	274
Leu Gly Leu Ser Leu Gly Thr Ala Ala Leu Phe Ala Ala Gly Ala Asn	
20 25 30	
GTG GCA CTC CTC CTT CCT AAC TGG GAT GTC ACC TAC CTG TTG AGG GGC	322
Val Ala Leu Leu Leu Pro Asn Trp Asp Val Thr Tyr Leu Leu Arg Gly	
35 40 45	
CTC CTT GGC AGG CAT GCC ATG CTG GGA ACT GGG CTC TGG GGA GGA GGC	370
Leu Leu Gly Arg His Ala Met Leu Gly Thr Gly Leu Trp Gly Gly Gly	

50	55	60	65	
CTC ATG GTA CTC ACT GCA GCT ATC CTC ATC TCC TTG ATG GGC TGG AGA				418
Leu Met Val Leu Thr Ala Ala Ile Leu Ile Ser Leu Met Gly Trp Arg				
70	75	80		
TAC GGC TGC TTC AGT AAG AGT GGG CTC TGT CGA AGC GTG CTT ACT GCT				466
Tyr Gly Cys Phe Ser Lys Ser Gly Leu Cys Arg Ser Val Leu Thr Ala				
85	90	95		
CTG TTG TCA GGT GGC CTG GCT TTA CTT GGA GCC CTG ATT TGC TTT GTC				514
Leu Leu Ser Gly Gly Leu Ala Leu Leu Gly Ala Leu Ile Cys Phe Val				
100	105	110		
ACT TCT GGA GTT GCT CTG AAA GAT GGT CCT TTT TGC ATG TTT GAT GTT				562
Thr Ser Gly Val Ala Leu Lys Asp Gly Pro Phe Cys Met Phe Asp Val				
115	120	125		
TCA TCC TTC AAT CAG ACA CAA GCT TGG AAA TAT GGT TAC CCA TTC AAA				610
Ser Ser Phe Asn Gln Thr Gln Ala Trp Lys Tyr Gly Tyr Pro Phe Lys				
130	135	140	145	
GAC CTG CAT AGT AGG AAT TAT CTG TAT GAC CGT TCG CTC TGG AAC TCC				658
Asp Leu His Ser Arg Asn Tyr Leu Tyr Asp Arg Ser Leu Trp Asn Ser				
150	155	160		
GTC TGC CTG GAG CCC TCT GCA GCT GTT GTC TGG CAC GTG TCC CTC TTC				706
Val Cys Leu Glu Pro Ser Ala Ala Val Val Trp His Val Ser Leu Phe				
165	170	175		
TCC GCC CTT CTG TGC ATC AGC CTG CTC CAG CTT CTC CTG GTG GTC GTT				754
Ser Ala Leu Leu Cys Ile Ser Leu Leu Gln Leu Leu Leu Val Val Val				
180	185	190		
CAT GTC ATC AAC AGC CTC CTG GGC CTT TTC TGC AGC CTC TGC GAG AAG				802
His Val Ile Asn Ser Leu Leu Gly Leu Phe Cys Ser Leu Cys Glu Lys				
195	200	205		
TGACAGGC AGAACCTTCA CTTGCAAGCA TGGGTGTTTA TCATCATCGG CTGTCTTGAA				860



TCCTTTCTAC AAGGAGTGGG TACGAATTAT AAACAAACTT CCCCTTTAGG T

911

【0185】

配列番号：58

配列の長さ：601

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：繊維肉腫

セルライン：HT-1080

クローン名：HP10050

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：10...501

特徴を決定した方法：E

配列

CCATCTGTC ATG GCG GCT GGG CTG TTT GGT TTG AGC GCT CGC CGT CTT TTG 51

Met Ala Ala Gly Leu Phe Gly Leu Ser Ala Arg Arg Leu Leu

1 5 10

GCG GCA GCG GCG ACG CGA GGG CTC CCG GCC GCC CGC GTC CGC TGG GAA 99

Ala Ala Ala Ala Thr Arg Gly Leu Pro Ala Ala Arg Val Arg Trp Glu

15 20 25 30

TCT AGC TTC TCC AGG ACT GTG GTC GCC CCG TCC GCT GTG GCG GGA AAG 147

Ser Ser Phe Ser Arg Thr Val Val Ala Pro Ser Ala Val Ala Gly Lys

35 40 45

CGG CCC CCA GAA CCG ACC ACA CCG TGG CAA GAG GAC CCA GAA CCC GAG 195

Arg Pro Pro Glu Pro Thr Thr Pro Trp Gln Glu Asp Pro Glu Pro Glu

50	55	60	
GAC GAA AAC TTG TAT GAG AAG AAC CCA GAC TCC CAT GGT TAT GAC AAG			243
Asp Glu Asn Leu Tyr Glu Lys Asn Pro Asp Ser His Gly Tyr Asp Lys			
65	70	75	
GAC CCC GTT TTG GAC GTC TGG AAC ATG CGA CTT GTC TTC TTC TTT GGC			291
Asp Pro Val Leu Asp Val Trp Asn Met Arg Leu Val Phe Phe Phe Gly			
80	85	90	
GTC TCC ATC ATC CTG GTC CTT GGC AGC ACC TTT GTG GCC TAT CTG CCT			339
Val Ser Ile Ile Leu Val Leu Gly Ser Thr Phe Val Ala Tyr Leu Pro			
95	100	105	110
GAC TAC AGG TGC ACA GGG TGT CCA AGA GCG TGG GAT GGG ATG AAA GAG			387
Asp Tyr Arg Cys Thr Gly Cys Pro Arg Ala Trp Asp Gly Met Lys Glu			
115	120	125	
TGG TCC CGC CGC GAA GCT GAG AGG CTT GTG AAA TAC CGA GAG GCC AAT			435
Trp Ser Arg Arg Glu Ala Glu Arg Leu Val Lys Tyr Arg Glu Ala Asn			
130	135	140	
GGC CTT CCC ATC ATG GAA TCC AAC TGC TTC GAC CCC AGC AAG ATC CAG			483
Gly Leu Pro Ile Met Glu Ser Asn Cys Phe Asp Pro Ser Lys Ile Gln			
145	150	155	
CTG CCA GAG GAT GAG TGACCAGTTG CTAAGTGGGG CTCAAGAAGC AC			530
Leu Pro Glu Asp Glu			
160			
CGCCTTCCCC ACCCCCTGCC TGCCATTCTG ACCTCTTCTC AGAGCACCTA ATTAAAGGGG			590
CTGAAAGTCT G			601

【0186】

配列番号：59

配列の長さ：394

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10071

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：47...325

特徴を決定した方法：E

配列

AACATCCGGG CCGCGCGGGG AAGGGGAGAC GTGGGGTAGA GTGACC ATG ACG AAA	55
Met Thr Lys	
1	
TTA GCG CAG TGG CTT TGG GGA CTA GCG ATC CTG GGC TCC ACC TGG GTG	103
Leu Ala Gln Trp Leu Trp Gly Leu Ala Ile Leu Gly Ser Thr Trp Val	
5 10 15	
GCC CTG ACC ACG GGA GCC TTG GGC CTG GAG CTG CCC TTG TCC TGC CAG	151
Ala Leu Thr Thr Gly Ala Leu Gly Leu Glu Leu Pro Leu Ser Cys Gln	
20 25 30 35	
GAA GTC CTG TGG CCA CTG CCC GCC TAC TTG CTG GTG TCC GCC GGC TGC	199
Glu Val Leu Trp Pro Leu Pro Ala Tyr Leu Leu Val Ser Ala Gly Cys	
40 45 50	
TAT GCC CTG GGC ACT GTG GGC TAT CGT GTG GCC ACT TTT CAT GAC TGC	247
Tyr Ala Leu Gly Thr Val Gly Tyr Arg Val Ala Thr Phe His Asp Cys	
55 60 65	
GAG GAC GCC GCA CGC GAG CTG CAG AGC CAG ATA CAG GAG GCC CGA GCC	295
Glu Asp Ala Ala Arg Glu Leu Gln Ser Gln Ile Gln Glu Ala Arg Ala	
70 75 80	

GAC TTA GCC CGC AGG GGG CTG CGC TTC TGACAGCCTA ACCCCATT 340  
Asp Leu Ala Arg Arg Gly Leu Arg Phe

85

90

CCTGTGCGGA CAGCCCTTCC TCCCATTTC CATTAAAGAG CCAGTTTATT TTCT 394

【0187】

配列番号：60

配列の長さ：732

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：リンホーマ

セルライン：U937

クローン名：HP10076

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：82..600

特徴を決定した方法：E

配列

AGAAACGTGT TCGTGCCCA GAAGAAGGGA AGGCGCGAGT GAGGAAAGGA GGTACTGTAG 60

ATGCCCTCCA AATCCTTGCT T ATG GAA TAT TTG GCT CAT CCC AGT ACA CTC 111

Met Glu Tyr Leu Ala His Pro Ser Thr Leu

1

5

10

GGC TTG GCT GTT GGA GTT GCT TGT GGC ATG TGC CTG GGC TGG AGC CTT 159

Gly Leu Ala Val Gly Val Ala Cys Gly Met Cys Leu Gly Trp Ser Leu

15

20

25

CGA GTA TGC TTT GGG ATG CTC CCC AAA AGC AAG ACG AGC AAG ACA CAC 207

Arg Val Cys Phe Gly Met Leu Pro Lys Ser Lys Thr Ser Lys Thr His	
30 35 40	
ACA GAT ACT GAA AGT GAA GCA AGC ATC TTG GGA GAC AGC GGG GAG TAC	255
Thr Asp Thr Glu Ser Glu Ala Ser Ile Leu Gly Asp Ser Gly Glu Tyr	
45 50 55	
AAG ATG ATT CTT GTG GTT CGA AAT GAC TTA AAG ATG GGA AAA GGG AAA	303
Lys Met Ile Leu Val Val Arg Asn Asp Leu Lys Met Gly Lys Gly Lys	
60 65 70	
GTG GCT GCC CAG TGC TCT CAT GCT GCT GTT TCA GCC TAC AAG CAG ATT	351
Val Ala Ala Gln Cys Ser His Ala Ala Val Ser Ala Tyr Lys Gln Ile	
75 80 85 90	
CAA AGA AGA AAT CCT GAA ATG CTC AAA CAA TGG GAA TAC TGT GGC CAG	399
Gln Arg Arg Asn Pro Glu Met Leu Lys Gln Trp Glu Tyr Cys Gly Gln	
95 100 105	
CCC AAG GTG GTG GTC AAA GCT CCT GAT GAA GAA ACC CTG ATT GCA TTA	447
Pro Lys Val Val Val Lys Ala Pro Asp Glu Glu Thr Leu Ile Ala Leu	
110 115 120	
TTG GCC CAT GCA AAA ATG CTG GGA CTG ACT GTA AGT TTA ATT CAA GAT	495
Leu Ala His Ala Lys Met Leu Gly Leu Thr Val Ser Leu Ile Gln Asp	
125 130 135	
GCT GGA CGT ACT CAG ATT GCA CCA GGC TCT CAA ACT GTC CTA GGG ATT	543
Ala Gly Arg Thr Gln Ile Ala Pro Gly Ser Gln Thr Val Leu Gly Ile	
140 145 150	
GGG CCA GGA CCA GCA GAC CTA ATT GAC AAA GTC ACT GGT CAC CTA AAA	591
Gly Pro Gly Pro Ala Asp Leu Ile Asp Lys Val Thr Gly His Leu Lys	
155 160 165 170	
CTT TAC TAGGTGGACT TTGATATGAC AACAAACCCCT CCATCACAAG TGT	640
Leu Tyr	

TTGAAGCCTG TCAGATTCTA ACAACAAAAG CTGAATTTCT TCACCCAACT TAAATGTTCT 700  
TGAGATGAAA ATAAACCTA TTCCCATGTT CT 732

【0188】

配列番号：61

配列の長さ：697

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：リンホーマ

セルライン：U937

クローン名：HP10085

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：151..600

特徴を決定した方法：E

配列

TATACCTCTA GTTTGGAGCT GTGCTGTAAA AACAAAGAGTA ACATTTTAT ATTAAGTTA 60  
AATAAGTTA CAACCTTGAA GAGAGTTTCT GCAAGACATG ACACAAAGCT GCTAGCAGAA 120  
AATCAAAACG CTGATTAAAA GAAGCACGGT ATG ATG ACC AAA CAT AAA AAG TGT 174  
Met Met Thr Lys His Lys Lys Cys  
1 5  
TTT ATA ATT GTT GGT GTT TTA ATA ACA ACT AAT ATT ATT ACT CTG ATA 222  
Phe Ile Ile Val Gly Val Leu Ile Thr Thr Asn Ile Ile Thr Leu Ile  
10 15 20  
GTT AAA CTA ACT CGA GAT TCT CAG AGT TTA TGC CCC TAT GAT TGG ATT 270  
Val Lys Leu Thr Arg Asp Ser Gln Ser Leu Cys Pro Tyr Asp Trp Ile

25	30	35	40	
GGT TTC CAA AAC AAA TGC TAT TAT TTC TCT AAA GAA GAA GGA GAT TGG				318
Gly Phe Gln Asn Lys Cys Tyr Tyr Phe Ser Lys Glu Glu Gly Asp Trp				
45	50	55		
AAT TCA AGT AAA TAC AAC TGT TCC ACT CAA CAT GCC GAC CTA ACT ATA				366
Asn Ser Ser Lys Tyr Asn Cys Ser Thr Gln His Ala Asp Leu Thr Ile				
60	65	70		
ATT GAC AAC ATA GAA GAA ATG AAT TTT CTT AGG CGG TAT AAA TGC AGT				414
Ile Asp Asn Ile Glu Glu Met Asn Phe Leu Arg Arg Tyr Lys Cys Ser				
75	80	85		
TCT GAT CAC TGG ATT GGA CTG AAG ATG GCA AAA AAT CGA ACA GGA CAA				462
Ser Asp His Trp Ile Gly Leu Lys Met Ala Lys Asn Arg Thr Gly Gln				
90	95	100		
TGG GTA GAT GGA GCT ACA TTT ACC AAA TCG TTT GGC ATG AGA GGG AGT				510
Trp Val Asp Gly Ala Thr Phe Thr Lys Ser Phe Gly Met Arg Gly Ser				
105	110	115	120	
GAA GGA TGT GCC TAC CTC AGC GAT GAT GGT GCA GCA ACA GCT AGA TGT				558
Glu Gly Cys Ala Tyr Leu Ser Asp Asp Gly Ala Ala Thr Ala Arg Cys				
125	130	135		
TAC ACC GAA AGA AAA TGG ATT TGC AGG AAA AGA ATA CAC TAA				600
Tyr Thr Glu Arg Lys Trp Ile Cys Arg Lys Arg Ile His				
140	145			
GTTAATGTCT AAGATAATGG GGAAAATAGA AAATAACATT ATTAAGTGTA AAACCAGCAA				660
AGTACTTTTT TAATTAAACA AAGTTCGAGT TTTGTAC				697

【0189】

配列番号：62

配列の長さ：1186

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖





Leu Lys Asn Asn Asn Arg Asp Leu Ser Met Val Arg Met Lys Ser Met	
80 85 90	
TTT GCT ATT GGC TTT TGT TTT ACT GCC CTA ATG GGA ATG TTC AAT TCC	459
Phe Ala Ile Gly Phe Cys Phe Thr Ala Leu Met Gly Met Phe Asn Ser	
95 100 105	
ATA TTT GAT GGT AGA GTG GTG GCA AAG CTT CCT TTT ACC CCT CTT TCT	507
Ile Phe Asp Gly Arg Val Val Ala Lys Leu Pro Phe Thr Pro Leu Ser	
110 115 120	
TAC ATC CAA GGA CTG TCT CAT CGA AAT CTG CTG GGA GAT GAC ACC ACA	555
Tyr Ile Gln Gly Leu Ser His Arg Asn Leu Leu Gly Asp Asp Thr Thr	
125 130 135	
GAC TGT TCC TTC ATT TTC CTG TAT ATT CTC TGT ACT ATG TCG ATT CGA	603
Asp Cys Ser Phe Ile Phe Leu Tyr Ile Leu Cys Thr Met Ser Ile Arg	
140 145 150 155	
CAG AAC ATT CAG AAG ATT CTC GGC CTT GCC CCT TCA CGA GCC GCC ACC	651
Gln Asn Ile Gln Lys Ile Leu Gly Leu Ala Pro Ser Arg Ala Ala Thr	
160 165 170	
AAG CAG GCA GGT GGA TTT CTT GGC CCA CCA CCT CCT TCT GGG AAG TTC	699
Lys Gln Ala Gly Gly Phe Leu Gly Pro Pro Pro Pro Ser Gly Lys Phe	
175 180 185	
TCT TGA ACTCAAG AACTCTTTAT TTTCTATCAT TCTTTCTAGA CACACACA	750
Ser	
CATCAGACTG GCAACTGTTT TGTAGCAAGA GCCATAGGTA GCCTTACTAC TTGGGCCTCT	810
TTCTAGTTTT GAATTATTTT TAAGCCTTTT GGGTATGATT AGAGTGAAAA TGGCAGCCAG	870
CAAACTTGAT AGTGCTTTTG GTCCTAGATG ATTTTATCA AATAAGTGGA TTGATTAGTT	930
AAGTTCAGGT AATGTTTATG TAATGAAAAA CAAATAGCAT CCTTCTTGTT TCATTTACAT	990
AAGTATTTTC TGTGGGACCG ACTCTCAAGG CACTGTGTAT GCCCTGCAAG TTGGCTGTCT	1050
ATGAGCATTT AGAGATTTAG AAGAAAAATT TAGTTTGTTT AACCTTGTA ACTGTTTGTT	1110

TTGTTGTTGT TTTTTTTC AAGCCAAATAC ATGACATAAG ATCAATAAAG AGGCCAAATT 1170

TTTAGCTGTT TTATGT 1186

【0190】

配列番号：63

配列の長さ：1409

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：リンホーマ

セルライン：U937

クローン名：HP10136

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：82...729

特徴を決定した方法：E

配列

ATAACTGTTG TCGCGGCGGA GGAAGTGAGG ACGGCGCCAA GGGCCTTCCG GGCCAGTGTT 60

GGATCCCTGT AGTTTGTGAA G ATG GTG TTG CTA ACA ATG ATC GCC CGA GTG 111

Met Val Leu Leu Thr Met Ile Ala Arg Val

1 5 10

GCG GAC GGG CTC CCG CTG GCC GCC TCG ATG CAG GAG GAC GAA CAG TCT 159

Ala Asp Gly Leu Pro Leu Ala Ala Ser Met Gln Glu Asp Glu Gln Ser

15 20 25

GGC CGG GAC CTT CAA CAG TAT CAG AGT CAG GCT AAG CAA CTC TTT CGA 207

Gly Arg Asp Leu Gln Gln Tyr Gln Ser Gln Ala Lys Gln Leu Phe Arg

30 35 40

AAG TTG AAT GAA CAG TCC CCT ACC AGA TGT ACC TTG GAA GCA GGA GCC	255
Lys Leu Asn Glu Gln Ser Pro Thr Arg Cys Thr Leu Glu Ala Gly Ala	
45 50 55	
ATG ACT TTT CAC TAC ATT ATT GAG CAG GGG GTG TGT TAT TTG GTT TTA	303
Met Thr Phe His Tyr Ile Ile Glu Gln Gly Val Cys Tyr Leu Val Leu	
60 65 70	
TGT GAA GCT GCC TTC CCT AAG AAG TTG GCT TTT GCC TAC CTA GAA GAT	351
Cys Glu Ala Ala Phe Pro Lys Lys Leu Ala Phe Ala Tyr Leu Glu Asp	
75 80 85 90	
TTG CAC TCA GAA TTT GAT GAA CAG CAT GGA AAG AAG GTG CCC ACT GTG	399
Leu His Ser Glu Phe Asp Glu Gln His Gly Lys Lys Val Pro Thr Val	
95 100 105	
TCC CGA CCC TAT TCC TTT ATT GAA TTT GAT ACT TTC ATT CAG AAA ACC	447
Ser Arg Pro Tyr Ser Phe Ile Glu Phe Asp Thr Phe Ile Gln Lys Thr	
110 115 120	
AAG AAG CTC TAC ATT GAC AGT CGT GCT CGA AGA AAT CTA GGC TCC ATC	495
Lys Lys Leu Tyr Ile Asp Ser Arg Ala Arg Arg Asn Leu Gly Ser Ile	
125 130 135	
AAC ACT GAA TTG CAA GAT GTG CAG AGG ATC ATG GTG GCC AAT ATT GAA	543
Asn Thr Glu Leu Gln Asp Val Gln Arg Ile Met Val Ala Asn Ile Glu	
140 145 150	
GAA GTG TTA CAA CGA GGA GAA GCA CTC TCA GCA TTG GAT TCA AAG GCT	591
Glu Val Leu Gln Arg Gly Glu Ala Leu Ser Ala Leu Asp Ser Lys Ala	
155 160 165 170	
AAC AAT TTG TCC AGT CTG TCC AAG AAA TAC CGC CAG GAT GCG AAG TAC	639
Asn Asn Leu Ser Ser Leu Ser Lys Lys Tyr Arg Gln Asp Ala Lys Tyr	
175 180 185	
TTG AAC ATG CGT TCC ACT TAT GCC AAA CTT GCA GCA GTA GCT GTA TTT	687
Leu Asn Met Arg Ser Thr Tyr Ala Lys Leu Ala Ala Val Ala Val Phe	

190	195	200	
TTC ATC ATG TTA ATA GTG TAT GTC CGA TTC TGG TGG CTG TGAA			730
Phe Ile Met Leu Ile Val Tyr Val Arg Phe Trp Trp Leu			
205	210	215	
ATAATGAATA CAGTCACTGG TAAGGGAGAA CCTAGAACCC AGTAGGTGTA TATTTTCAGG			790
AAACTGAGCT CACAGAGATG TGTATTAGAA TCCAAGTGGA ACTTCTGCCT CTAAAGACCT			850
TGCAAGAAAA GAGATGCCCT GAAAATGAAA GGTTGCACCT CATTTAATGA AGCTTAACCC			910
TATGTAGAAA GTCTCTTTTCG GGGGCAGAGG CTTTCTCTGG GTGCCAAGCC ATATATATTA			970
GGGAATAGTA GATTGTAAAT TTCGTTTTTTT CCCTCCCACT GCATTTTAAA AACAGCACTG			1030
GCTGGGGCAT TCTCATTCTC TGATGGAGCC ATCAATGAGA TTTAACTTAG TCAACCTGTG			1090
CTAGCAACAT TCTGAAATTC CTTCAAAGAA GGCAGTCCTT TGGGAAGGTG TTTTTTTTTT			1150
TTTTTTTTTT TTTGACTCTA ATCAACATTC CTTTGTGG TGACATTTGT GATTTTCAGT			1210
AATCTGAGTT TTTGATGGCC TTTTAAACAA GACTCCAGTA TGTGAAGGT AATTGCTGTG			1270
CTCCACAGAT CTGTCTATT GGCCCTGTA GAAAGTTAAC CTTTGTGTT TTCCTTTTAT			1330
AATTTGCTTA TTGCACAATT GCTTTAGGGT AAGTGAATTA TATTAAGATG CTTGAAATT			1390
ATAGCACTCC TTGATTAAG			1409

【0191】

配列番号：64

配列の長さ：974

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10175

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置: 174. . 512

特徴を決定した方法: E

配列

AGAGCCGCTC CCCTCTCCTC GCCCCGCCAC CGGGACGGAG AGCGCCCGCC GCTGCATTTC 60  
CGGCGACACC TCGCAGTCAT TCCTGCGGCT TCGCGCCCT TGTAGACAGC CGGGGCCTTC 120  
GTGAGACCGG TGCAGGCCTG GGGTAGTCTC CTGTCTGGAC AGAGAAGAGA AAA ATG 176

Met

1

CAG GAC ACT GGC TCA GTA GTG CCT TTG CAT TGG TTT GGC TTT GGC TAC 224  
Gln Asp Thr Gly Ser Val Val Pro Leu His Trp Phe Gly Phe Gly Tyr

5

10

15

GCA GCA CTG GTT GCT TCT GGT GGG ATC ATT GGC TAT GTA AAA GCA GGC 272  
Ala Ala Leu Val Ala Ser Gly Gly Ile Ile Gly Tyr Val Lys Ala Gly

20

25

30

AGC GTG CCG TCC CTG GCT GCA GGG CTG CTC TTT GGC AGT CTA GCC GGC 320  
Ser Val Pro Ser Leu Ala Ala Gly Leu Leu Phe Gly Ser Leu Ala Gly

35

40

45

CTG GGT GCT TAC CAG CTG TCT CAG GAT CCA AGG AAC GTT TGG GTT TTC 368  
Leu Gly Ala Tyr Gln Leu Ser Gln Asp Pro Arg Asn Val Trp Val Phe

50

55

60

65

CTA GCT ACA TCT GGT ACC TTG GCT GGC ATT ATG GGA ATG AGG TTC TAC 416  
Leu Ala Thr Ser Gly Thr Leu Ala Gly Ile Met Gly Met Arg Phe Tyr

70

75

80

CAC TCT GGA AAA TTC ATG CCT GCA GGT TTA ATT GCA GGT GCC AGT TTG 464  
His Ser Gly Lys Phe Met Pro Ala Gly Leu Ile Ala Gly Ala Ser Leu

85

90

95

CTG ATG GTC GCC AAA GTT GGA GTT AGT ATG TTC AAC AGA CCC CAT 509  
Leu Met Val Ala Lys Val Gly Val Ser Met Phe Asn Arg Pro His

100

105

110

T AGCAGAAGTC ATGTTCCAGC TTAGACTGAT GAAGAATTAA AAATCTGCAT	560
CTTCCACTAT TTTCAATATA TTAAGAGAAA TAAGTGCAGC ATTTTTCAT CTGACATTTT	620
ACCTAAAAAA AAAGACACCA AACTTGGCAG AGAGGTGGAA AATCAGTCAT GATTACAAAC	680
CTACAGAGGT GGCGAGTATG TAACACAAGA GCTTAATAAG ACCCTCATAG AGCTTGATTC	740
TTGTATATTG ATGTTGTCTT TTCTTTCTGT ATCTGTAGGT AAATCTCAAG GGTAATGT	800
TAGGTGTCAG CTTTCAGGGC TCTGAAACCC TATTCCCTGC TCTGAGGAAC AGTGTGAAAA	860
AAAGTCTTTT AGGAGATTTA CAATATCTGT TCTTTTGCTC ATCTTAGACC ACAGACTGAC	920
TTTGAAATTA TGTAAAGTGA AATATCAATG TAAATAAAGT TTAATAAAA TAAT	974

【0192】

配列番号：65

配列の長さ：925

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：類表皮癌

セルライン：KB

クローン名：HP10179

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：122...466

特徴を決定した方法：E

配列

AATCGCGTTT CCGGAGAGAC CTGGCTGCTG TGTCCGCGG CTTGCGCTCC GTAGTGGACT	60
CCGCGGGCCT TCGGCAGATG CAGGCCTGGG GTAGTCTCCT TTCTGGACTG AGAAGAGAAG	120
ATG GAG AAG CCC CTC TTC CCA TTA GTG CCT TTG CAT TGG TTT GGC TTT	168
Met Glu Lys Pro Leu Phe Pro Leu Val Pro Leu His Trp Phe Gly Phe	

1	5	10	15	
GGC TAC ACA GCA CTG GTT GTT TCT GGT GGG ATC GTT GGC TAT GTA AAA				216
Gly Tyr Thr Ala Leu Val Val Ser Gly Gly Ile Val Gly Tyr Val Lys				
20	25	30		
ACA GGC AGC GTG CCG TCC CTG GCA GCA GGG CTG CTC TTC GGC AGT CTA				264
Thr Gly Ser Val Pro Ser Leu Ala Ala Gly Leu Leu Phe Gly Ser Leu				
35	40	45		
GCC GGC CTG GGT GCT TAC CAG CTG TAT CAG GAT CCT AGG AAC GTT TGG				312
Ala Gly Leu Gly Ala Tyr Gln Leu Tyr Gln Asp Pro Arg Asn Val Trp				
50	55	60		
GGT TTC CTA GCC GCT ACA TCT GTT ACT TTT GTT GGT GTT ATG GGA ATA				360
Gly Phe Leu Ala Ala Thr Ser Val Thr Phe Val Gly Val Met Gly Met				
65	70	75	80	
AGA TCC TAC TAC TAT GGA AAA TTC ATG CCT GTA GGT TTA ATT GCA GGT				408
Arg Ser Tyr Tyr Tyr Gly Lys Phe Met Pro Val Gly Leu Ile Ala Gly				
85	90	95		
GCC AGT TTG CTG ATG GCC GCC AAA GTT GGA GTT CGT ATG TTG ATG ACA				456
Ala Ser Leu Leu Met Ala Ala Lys Val Gly Val Arg Met Leu Met Thr				
100	105	110		
TCT GAT TAGCAGAAGT CATGTTGCA GCTTGACTC ATGAAGGATT AAAAATCT				510
Ser Asp				
GCATCTTCCA CTATTTTCAA TGTATTAAGA GAAATAAGTG CAGCATT TTT GCATCTGACA				570
TTTTACCTAA AAAAAAAAAAG ACACCAAATT TGGCGGAGGG GTGGAAAATC AGTTGTTACC				630
ATTATAACCC TACAGAGGTG GTGAGCATGT AACATGAGCT TATTGAGACC ATCATAGAGA				690
TCGATTCTTG TATATTGATT TTATCTCTTT CTGTATCTAT AGGTAAATCT CAAGGGTAAA				750
ATGTTAGGTG TTGACATTGA GAACCTGAA ACCCATTCCT CTGCTCAGAG GAACAGTGTG				810
AAAAAAAAATC TCTTGAGAGA TTTAGAATAT CTTTTCTTTT GCTCATCTTA GACCACAGAC				870
TGACTTTGAA ATTATGTAA GTGAAATATC AATGAAAATA AAGTTTACTA TAAAT				925

【0193】

配列番号：66

配列の長さ：1115

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：繊維肉腫

セルライン：HT-1080

クローン名：HP10196

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：10...993

特徴を決定した方法：E

配列

GCGGGGAAA ATG GCG GCG GCG GCG GCG GCG GCT GCA GCT ACG AAC GGG ACC	51
Met Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Ala Thr Asn Gly Thr	
1 5 10	
GGA GGA AGC AGC GGG ATG GAG GTG GAT GCA GCA GTA GTC CCC AGC GTG	99
Gly Gly Ser Ser Gly Met Glu Val Asp Ala Ala Val Val Pro Ser Val	
15 20 25 30	
ATG GCC TGC GGA GTG ACT GGG AGT GTT TCC GTC GCT CTC CAT CCC CTT	147
Met Ala Cys Gly Val Thr Gly Ser Val Ser Val Ala Leu His Pro Leu	
35 40 45	
GTC ATT CTC AAC ATC TCA GAC CAC TGG ATC CGC ATG CGC TCC CAG GAG	195
Val Ile Leu Asn Ile Ser Asp His Trp Ile Arg Met Arg Ser Gln Glu	
50 55 60	



GGG CGG CCT GTG CAG GTG ATT GGG GCT CTG ATT GGC AAG CAG GAG GGC	243
Gly Arg Pro Val Gln Val Ile Gly Ala Leu Ile Gly Lys Gln Glu Gly	
65 70 75	
CGA AAT ATC GAG GTG ATG AAC TCC TTT GAG CTG CTG TCC CAC ACC GTG	291
Arg Asn Ile Glu Val Met Asn Ser Phe Glu Leu Leu Ser His Thr Val	
80 85 90	
GAA GAG AAG ATT ATC ATT GAC AAG GAA TAT TAT TAC ACC AAG GAG GAG	339
Glu Glu Lys Ile Ile Ile Asp Lys Glu Tyr Tyr Tyr Thr Lys Glu Glu	
95 100 105 110	
CAG TTT AAA CAG GTG TTC AAG GAG CTG GAG TTT CTG GGT TGG TAT ACC	387
Gln Phe Lys Gln Val Phe Lys Glu Leu Glu Phe Leu Gly Trp Tyr Thr	
115 120 125	
ACA GGG GGG CCA CCT GAC CCC TCG GAC ATC CAC GTC CAT AAG CAG GTG	435
Thr Gly Gly Pro Pro Asp Pro Ser Asp Ile His Val His Lys Gln Val	
130 135 140	
TGT GAG ATC ATC GAG AGC CCC CTC TTT CTG AAG TTG AAC CCT ATG ACC	483
Cys Glu Ile Ile Glu Ser Pro Leu Phe Leu Lys Leu Asn Pro Met Thr	
145 150 155	
AAG CAC ACA GAT CTT CCT GTC AGC GTT TTT GAG TCT GTC ATT GAT ATA	531
Lys His Thr Asp Leu Pro Val Ser Val Phe Glu Ser Val Ile Asp Ile	
160 165 170	
ATC AAT GGA GAG GCC ACA ATG CTG TTT GCT GAG CTG ACC TAC ACT CTG	579
Ile Asn Gly Glu Ala Thr Met Leu Phe Ala Glu Leu Thr Tyr Thr Leu	
175 180 185 190	
GCC ACA GAG GAA GCG GAA CGC ATT GGT GTA GAC CAC GTA GCC CGA ATG	627
Ala Thr Glu Glu Ala Glu Arg Ile Gly Val Asp His Val Ala Arg Met	
195 200 205	
ACA GCA ACA GGC AGT GGA GAG AAC TCC ACT GTG GCT GAA CAC CTG ATA	675
Thr Ala Thr Gly Ser Gly Glu Asn Ser Thr Val Ala Glu His Leu Ile	

210	215	220	
GCA CAG CAC AGC GCC ATC AAG ATG CTG CAC AGC CGC GTC AAG CTC ATC			723
Ala Gln His Ser Ala Ile Lys Met Leu His Ser Arg Val Lys Leu Ile			
225	230	235	
TTG GAG TAC GTC AAG GCC TCT GAA GCG GGA GAG GTC CCC TTT AAT CAT			771
Leu Glu Tyr Val Lys Ala Ser Glu Ala Gly Glu Val Pro Phe Asn His			
240	245	250	
GAG ATC CTG CGG GAG GCC TAT GCT CTG TGT CAC TGT CTC CCG GTG CTC			819
Glu Ile Leu Arg Glu Ala Tyr Ala Leu Cys His Cys Leu Pro Val Leu			
255	260	265	270
AGC ACA GAC AAG TTC AAG ACA GAT TTT TAT GAT CAA TGC AAC GAC GTG			867
Ser Thr Asp Lys Phe Lys Thr Asp Phe Tyr Asp Gln Cys Asn Asp Val			
275	280	285	
GGG CTC ATG GCC TAC CTC GGC ACC ATC ACC AAA ACG TGC AAC ACC ATG			915
Gly Leu Met Ala Tyr Leu Gly Thr Ile Thr Lys Thr Cys Asn Thr Met			
290	295	300	
AAC CAG TTT GTG AAC AAG TTC AAT GTC CTC TAC GAC CGA CAA GGC ATC			963
Asn Gln Phe Val Asn Lys Phe Asn Val Leu Tyr Asp Arg Gln Gly Ile			
305	310	315	
GGC AGG AGA ATG CGC GGC CTC TTT TTC TGATGAGGGT			1000
Gly Arg Arg Met Arg Gly Leu Phe Phe			
320	325		
ACTTGAAGGG CTGATGGACA GGGGTCAGGC AACTATCCCA AAGGGGAGGG CACTACACTT			1060
CCTTGAGAGA AACCCTGTC ATTAATAAAA GGGGAGCAGC CCCTGAGCAC CCCTG			1115

【0194】

配列番号：67

配列の長さ：1721

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ＝サピエンス

細胞の種類：繊維肉腫

セルライン：HT-1080

クローン名：HP10235

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：6...1127

特徴を決定した方法：E

配列

ATGTC ATG ACC CTA TGT GCC ATG CTG CCC CTG CTG TTA TTC ACC TAC CTC	50
Met Thr Leu Cys Ala Met Leu Pro Leu Leu Leu Phe Thr Tyr Leu	
1 5 10 15	
AAC TCC TTC CTG CAT CAG AGG ATC CCC CAG TCC GTA CGG ATC CTG GGC	98
Asn Ser Phe Leu His Gln Arg Ile Pro Gln Ser Val Arg Ile Leu Gly	
20 25 30	
AGC CTG GTG GCC ATC CTG CTG GTG TTT CTG ATC ACT GCC ATC CTG GTG	146
Ser Leu Val Ala Ile Leu Leu Val Phe Leu Ile Thr Ala Ile Leu Val	
35 40 45	
AAG GTG CAG CTG GAT GCT CTG CCC TTC TTT GTC ATC ACC ATG ATC AAG	194
Lys Val Gln Leu Asp Ala Leu Pro Phe Phe Val Ile Thr Met Ile Lys	
50 55 60	
ATC GTG CTC ATT AAT TCA TTT GGT GCC ATC CTG CAG GGC AGC CTG TTT	242
Ile Val Leu Ile Asn Ser Phe Gly Ala Ile Leu Gln Gly Ser Leu Phe	
65 70 75	
GGT CTG GCT GGC CTT CTG CCT GCC AGC TAC ACG GCC CCC ATC ATG AGT	290
Gly Leu Ala Gly Leu Leu Pro Ala Ser Tyr Thr Ala Pro Ile Met Ser	

80	85	90	95	
GGC CAG GGC CTA GCA GGC TTC TTT GCC TCC GTG GCC ATG ATC TGC GCT				338
Gly Gln Gly Leu Ala Gly Phe Phe Ala Ser Val Ala Met Ile Cys Ala				
100	105	110		
ATT GCC AGT GGC TCG GAG CTA TCA GAA AGT GCC TTC GGC TAC TTT ATC				386
Ile Ala Ser Gly Ser Glu Leu Ser Glu Ser Ala Phe Gly Tyr Phe Ile				
115	120	125		
ACA GCC TGT GCT GTT ATC ATT TTG ACC ATC ATC TGT TAC CTG GGC CTG				434
Thr Ala Cys Ala Val Ile Ile Leu Thr Ile Ile Cys Tyr Leu Gly Leu				
130	135	140		
CCC CGC CTG GAA TTC TAC CGC TAC TAC CAG CAG CTC AAG CTT GAA GGA				482
Pro Arg Leu Glu Phe Tyr Arg Tyr Tyr Gln Gln Leu Lys Leu Glu Gly				
145	150	155		
CCC GGG GAG CAG GAG ACC AAG TTG GAC CTC ATT AGC AAA GGA GAG GAG				530
Pro Gly Glu Gln Glu Thr Lys Leu Asp Leu Ile Ser Lys Gly Glu Glu				
160	165	170	175	
CCA AGA GCA GGC AAA GAG GAA TCT GGA GTT TCA GTC TCC AAC TCT CAG				578
Pro Arg Ala Gly Lys Glu Glu Ser Gly Val Ser Val Ser Asn Ser Gln				
180	185	190		
CCC ACC AAT GAA AGC CAC TCT ATC AAA GCC ATC CTG AAA AAT ATC TCA				626
Pro Thr Asn Glu Ser His Ser Ile Lys Ala Ile Leu Lys Asn Ile Ser				
195	200	205		
GTC CTG GCT TTC TCT GTC TGC TTC ATC TTC ACT ATC ACC ATT GGG ATG				674
Val Leu Ala Phe Ser Val Cys Phe Ile Phe Thr Ile Thr Ile Gly Met				
210	215	220		
TTT CCA GCC GTG ACT GTT GAG GTC AAG TCC AGC ATC GCA GGC AGC AGC				722
Phe Pro Ala Val Thr Val Glu Val Lys Ser Ser Ile Ala Gly Ser Ser				
225	230	235		
ACC TGG GAA CGT TAC TTC ATT CCT GTG TCC TGT TTC TTG ACT TTC AAT				770

[illegible]

GAGTCGAGGG ACGGGGTGTA GCCTCGGCAT TTGCTTGAGT TTCTCCACTC TTGGCTCTGA 1390  
 CTGATCCCTG CTTGTGCAGG CCAGTGGAGG CTCTTGGGCT TGGAGAACAC GTGTGTCTCT 1450  
 GTGTATGTGT CTGTGTGTCT GCGTCCGTGT CTGTCAGACT GTCTGCCTGT CCTGGGGTGG 1510  
 CTAGGAGCTG GGTCTGACCG TTGTATGGTT TGACCTGATA TACTCCATTC TCCCCTGCGC 1570  
 CTCCTCCTCT GTGTTCTCTC CATGTCCCCC TCCCAACTCC CCATGCCCAG TTCTTACCCA 1630  
 TCATGCACCC TGTACAGTTG CCACGTTACT GCCTTTTTTA AAAATATATT TGACAGAAAC 1690  
 CAGGTGCCTT CAGAGGCTCT CTGATTAAAA T 1721

【0195】

配列番号：68

配列の長さ：1504

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10297

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：63..614

特徴を決定した方法：E

配列

CTTTTGCGGC TGCAGCGGGC TTGTAGGTGT CCGGCTTTGC TGGCCCAGCA AGCCTGATAA 60  
 GC ATG AAG CTC TTA TCT TTG GTG GCT GTG GTC GGG TGT TTG CTG GTG 107  
 Met Lys Leu Leu Ser Leu Val Ala Val Val Gly Cys Leu Leu Val  
 1 5 10 15  
 CCC CCA GCT GAA GCC AAC AAG AGT TCT GAA GAT ATC CGG TGC AAA TGC 155  
 Pro Pro Ala Glu Ala Asn Lys Ser Ser Glu Asp Ile Arg Cys Lys Cys

特平 8-301429

20	25	30	
ATC TGT CCA CCT TAT AGA AAC ATC AGT GGG CAC ATT TAC AAC CAG AAT			203
Ile Cys Pro Pro Tyr Arg Asn Ile Ser Gly His Ile Tyr Asn Gln Asn			
35	40	45	
GTA TCC CAG AAG GAC TGC AAC TGC CTG CAC GTG GTG GAG CCC ATG CCA			251
Val Ser Gln Lys Asp Cys Asn Cys Leu His Val Val Glu Pro Met Pro			
50	55	60	
GTG CCT GGC CAT GAC GTG GAG GCC TAC TGC CTG CTG TGC GAG TGC AGG			299
Val Pro Gly His Asp Val Glu Ala Tyr Cys Leu Leu Cys Glu Cys Arg			
65	70	75	
TAC GAG GAG CGC AGC ACC ACC ACC ATC AAG GTC ATC ATT GTC ATC TAC			347
Tyr Glu Glu Arg Ser Thr Thr Thr Ile Lys Val Ile Ile Val Ile Tyr			
80	85	90	95
CTG TCC GTG GTG GGT GCC CTG TTG CTC TAC ATG GCC TTC CTG ATG CTG			395
Leu Ser Val Val Gly Ala Leu Leu Leu Tyr Met Ala Phe Leu Met Leu			
100	105	110	
GTG GAC CCT CTG ATC CGA AAG CCG GAT GCA TAC ACT GAG CAA CTG CAC			443
Val Asp Pro Leu Ile Arg Lys Pro Asp Ala Tyr Thr Glu Gln Leu His			
115	120	125	
AAT GAG GAG GAG AAT GAG GAT GCT CGC TCT ATG GCA GCA GCT GCT GCA			491
Asn Glu Glu Glu Asn Glu Asp Ala Arg Ser Met Ala Ala Ala Ala Ala			
130	135	140	
TCC CTC GGG GGA CCC CGA GCA AAC ACA GTC CTG GAG CGT GTG GAA GGT			539
Ser Leu Gly Gly Pro Arg Ala Asn Thr Val Leu Glu Arg Val Glu Gly			
145	150	155	
GCC CAG CAG CGG TGG AAG CTG CAG GTG CAG GAG CAG CGG AAG ACA GTC			587
Ala Gln Gln Arg Trp Lys Leu Gln Val Gln Glu Gln Arg Lys Thr Val			
160	165	170	175
TTC GAT CGG CAC AAG ATG CTC AGC TAGATGGGCT GGTGTGGTTG GGTCAAGGC			640

Phe Asp Arg His Lys Met Leu Ser

180

CCCAACACCA TGGCTGCCAG CTTCCAGGCT GGACAAAGCA GGGGGCTACT TCTCCCTTCC	700
CTCGGTTCCTA GTCTTCCCTT TAAAAGCCTG TGGCATTITTT CCTCCTTCTC CCTAACTTTA	760
GAAATGTTGT ACTTGGCTAT TTTGATTAGG GAAGAGGGAT GTGGTCTCTG ATCTCTGTTG	820
TCTTCTTGGG TCTTTGGGGT TGAAGGGAGG GGGAAAGCAG GCCAGAAGGG AATGGAGACA	880
TTCGAGGCGG CCTCAGGAGT GGATGCGATC TGTCTCTCCT GGCTCCACTC TTGCCGCCTT	940
CCAGCTCTGA GTCTTGGGAA TGTTGTTACC CTTGGAAGAT AAAGCTGGGT CTTCAGGAAC	1000
TCAGTGTCTG GGAGGAAAGC ATGGCCCAGC ATTCAGCATG TGTTCCCTTTC TGCAGTGGTT	1060
CTTATCACCA CCTCCCTCCC AGCCCCAGCG CCTCAGCCCC AGCCCCAGCT CCAGCCCTGA	1120
GGACAGCTCT GATGGGAGAG CTGGGCCCCC TGAGCCCACT GGGTCTTCAG GGTGCACTGG	1180
AAGCTGGTGT TCGCTGTCCC CTGTGCACTT CTCGCACTGG GGCATGGAGT GCCCATGCAT	1240
ACTCTGCTGC CGGTCCCCTC ACCTGCACTT GAGGGGTCTG GGCAGTCCCT CCTCTCCCCA	1300
GTGTCCACAG TCACTGAGCC AGACGGTCGG TTGGAACATG AGACTCGAGG CTGAGCGTGG	1360
ATCTGAACAC CACAGCCCCT GTACTTGGGT TGCCTCTTGT CCCTGAACTT CGTTGTACCA	1420
GTGCATGGAG AGAAAAATTT GTCCTCTTGT CTTAGAGTTG TGTGTAAATC AAGGAAGCCA	1480
TCATTAAATT GTTTTATTTT TCTC	1504

【0196】

配列番号：69

配列の長さ：532

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：胃癌

クローン名：HP10299

配列の特徴：



特徴を表す記号：CDS

存在位置：93...443

特徴を決定した方法：E

配列

GCTCTCTGGT AAAGGCGTGC AGGTGTTGGC CGCGGCCTCT GAGCTGGGAT GAGCCGTGCT	60
CCCGGTGGAA GCAAGGGAGC CCAGCCGGAG CC ATG GCC AGT ACA GTG GTA GCA	113
Met Ala Ser Thr Val Val Ala	
1 5	
GTT GGA CTG ACC ATT GCT GCT GCA GGA TTT GCA GGC CGT TAC GTT TTG	161
Val Gly Leu Thr Ile Ala Ala Ala Gly Phe Ala Gly Arg Tyr Val Leu	
10 15 20	
CAA GCC ATG AAG CAT ATG GAG CCT CAA GTA AAA CAA GTT TTT CAA AGC	209
Gln Ala Met Lys His Met Glu Pro Gln Val Lys Gln Val Phe Gln Ser	
25 30 35	
CTA CCA AAA TCT GCC TTC AGT GGT GGC TAT TAT AGA GGT GGG TTT GAA	257
Leu Pro Lys Ser Ala Phe Ser Gly Gly Tyr Tyr Arg Gly Gly Phe Glu	
40 45 50 55	
CCC AAA ATG ACA AAA CGG GAA GCA GCA TTA ATA CTA GGT GTA AGC CCT	305
Pro Lys Met Thr Lys Arg Glu Ala Ala Leu Ile Leu Gly Val Ser Pro	
60 65 70	
ACT GCC AAT AAA GGG AAA ATA AGA GAT GCT CAT CGA CGA ATT ATG CTT	353
Thr Ala Asn Lys Gly Lys Ile Arg Asp Ala His Arg Arg Ile Met Leu	
75 80 85	
TTA AAT CAT CCT GAC AAA GGA GGA TCT CCT TAT ATA GCA GCC AAA ATC	401
Leu Asn His Pro Asp Lys Gly Gly Ser Pro Tyr Ile Ala Ala Lys Ile	
90 95 100	
AAT GAA GCT AAA GAT TTA CTA GAA GGT CAA GCT AAA AAA TGAAGTAAAT	450
Asn Glu Ala Lys Asp Leu Leu Glu Gly Gln Ala Lys Lys	
105 110 115	

GTATGATGAA TTTTAAGTTC GTATTAGTTT ATGTATATGA GTACTAAGTT TTTATAATAA 510  
AATGCCTCAG AGCTACAATT TT 532

【0197】

配列番号：70

配列の長さ：662

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：類表皮癌

セルライン：KB

クローン名：HP10301

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：92..550

特徴を決定した方法：E

配列

TCTAGCCCCG CCCAGGCGA GGGCGCCGCA CCCACACCGC GCTGCGCAGT TTTGTTCTGC 60

TCCAGCTGTT CGAAGGTGAT CCAGACGCAA G ATG GCT GTC CTC TCT AAG GAA 112

Met Ala Val Leu Ser Lys Glu

1

5

TAT GGT TTT GTG CTT CTA ACT GGT GCT GCC AGC TTT ATA ATG GTG GCC 160

Tyr Gly Phe Val Leu Leu Thr Gly Ala Ala Ser Phe Ile Met Val Ala

10

15

20

CAC CTA GCC ATC AAT GTT TCC AAG GCC CGC AAG AAG TAC AAA GTG GAG 208

His Leu Ala Ile Asn Val Ser Lys Ala Arg Lys Lys Tyr Lys Val Glu

25

30

35

TAT CCT ATC ATG TAC AGC ACG GAC CCT GAA AAT GGG CAC ATC TTC AAC	256
Tyr Pro Ile Met Tyr Ser Thr Asp Pro Glu Asn Gly His Ile Phe Asn	
40 45 50 55	
TGC ATT CAG CGA GCC CAC CAG AAC ACG TTG GAA GTG TAT CCT CCC TTC	304
Cys Ile Gln Arg Ala His Gln Asn Thr Leu Glu Val Tyr Pro Pro Phe	
60 65 70	
TTA TTT TTT CTA GCT GTT GGA GGT GTT TAC CAC CCG CGT ATA GCT TCT	352
Leu Phe Phe Leu Ala Val Gly Gly Val Tyr His Pro Arg Ile Ala Ser	
75 80 85	
GGC CTG GGC TTG GCC TGG ATT GTT GGA CGA GTT CTT TAT GCT TAT GGC	400
Gly Leu Gly Leu Ala Trp Ile Val Gly Arg Val Leu Tyr Ala Tyr Gly	
90 95 100	
TAT TAC ACG GGA GAA CCC AGC AAG CGT AGT CGA GGA GCC CTG GGG TCC	448
Tyr Tyr Thr Gly Glu Pro Ser Lys Arg Ser Arg Gly Ala Leu Gly Ser	
105 110 115	
ATC GCC CTC CTG GGC TTG GTG GGC ACA ACT GTG TGC TCT GCT TTC CAG	496
Ile Ala Leu Leu Gly Leu Val Gly Thr Thr Val Cys Ser Ala Phe Gln	
120 125 130 135	
CAT CTT GGT TGG GTT AAA AGT GGC TTG GGC AGT GGA CCC AAA TGC TGC	544
His Leu Gly Trp Val Lys Ser Gly Leu Gly Ser Gly Pro Lys Cys Cys	
140 145 150	
CAT TAAAGAATTA TAGGGGTTTA AAAACTCTCA TTCATTTTAA ATG	590
His	

ACTTACCTTT ATTTCCAGTT ACATTTTTTT TCTAAATATA ATAAAACTT ACCTGGCATC	650
AGCCTCATAC CT	662

【0198】

配列番号：71

配列の長さ：2373

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：肝臓

クローン名：HP10302

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：134...1813

特徴を決定した方法：E

配列

GAAGACCCCA GCGCCGGCGC GGCTCAGGGC TGGGCCACG GGACTCCGGA CGCGCCGCGA	60
AAGCGTTGCG CTCCCGGAGG CGTCCGCAGC TGCTGGCTGC TCATTGCCG GTGACCGGAG	120
GCTCGGGGCC AGC ATG GCC CCC ACG CTG CAA CAG GCG TAC CGG AGG CGC	169
Met Ala Pro Thr Leu Gln Gln Ala Tyr Arg Arg Arg	
1 5 10	
TGG TGG ATG GCC TGC ACG GCT GTG CTG GAG AAC CTC TTC TTC TCT GCT	217
Trp Trp Met Ala Cys Thr Ala Val Leu Glu Asn Leu Phe Phe Ser Ala	
15 20 25	
GTA CTC CTG GGC TGG GGC TCC CTG TTG ATC ATT CTG AAG AAC GAG GGC	265
Val Leu Leu Gly Trp Gly Ser Leu Leu Ile Ile Leu Lys Asn Glu Gly	
30 35 40	
TTC TAT TCC AGC ACG TGC CCA GCT GAG AGC AGC ACC AAC ACC ACC CAG	313
Phe Tyr Ser Ser Thr Cys Pro Ala Glu Ser Ser Thr Asn Thr Thr Gln	
45 50 55 60	
GAT GAG CAG CGC AGG TGG CCA GGC TGT GAC CAG CAG GAC GAG ATG CTC	361
Asp Glu Gln Arg Arg Trp Pro Gly Cys Asp Gln Gln Asp Glu Met Leu	

65	70	75	
AAC CTG GGC TTC ACC ATT GGT TCC TTC GTG CTC AGC GCC ACC ACC CTG			409
Asn Leu Gly Phe Thr Ile Gly Ser Phe Val Leu Ser Ala Thr Thr Leu			
80	85	90	
CCA CTG GGG ATC CTC ATG GAC CGC TTT GGC CCC CGA CCC GTG CGG CTG			457
Pro Leu Gly Ile Leu Met Asp Arg Phe Gly Pro Arg Pro Val Arg Leu			
95	100	105	
GTT GGC AGT GCC TGC TTC ACT GCG TCC TGC ACC CTC ATG GCC CTG GCC			505
Val Gly Ser Ala Cys Phe Thr Ala Ser Cys Thr Leu Met Ala Leu Ala			
110	115	120	
TCC CGG GAC GTG GAA GCT CTG TCT CCG TTG ATA TTC CTG GCG CTG TCC			553
Ser Arg Asp Val Glu Ala Leu Ser Pro Leu Ile Phe Leu Ala Leu Ser			
125	130	135	140
CTG AAT GGC TTT GGT GGC ATC TGC CTA ACG TTC ACT TCA CTC ACG CTG			601
Leu Asn Gly Phe Gly Gly Ile Cys Leu Thr Phe Thr Ser Leu Thr Leu			
145	150	155	
CCC AAC ATG TTT GGG AAC CTG CGC TCC ACG TTA ATG GCC CTC ATG ATT			649
Pro Asn Met Phe Gly Asn Leu Arg Ser Thr Leu Met Ala Leu Met Ile			
160	165	170	
GGC TCT TAC GCC TCT TCT GCC ATT ACG TTC CCA GGA ATC AAG CTG ATC			697
Gly Ser Tyr Ala Ser Ser Ala Ile Thr Phe Pro Gly Ile Lys Leu Ile			
175	180	185	
TAC GAT GCC GGT GTG GCC TTC GTG GTC ATC ATG TTC ACC TGG TCT GGC			745
Tyr Asp Ala Gly Val Ala Phe Val Val Ile Met Phe Thr Trp Ser Gly			
190	195	200	
CTG GCC TGC CTT ATC TTT CTG AAC TGC ACC CTC AAC TGG CCC ATC GAA			793
Leu Ala Cys Leu Ile Phe Leu Asn Cys Thr Leu Asn Trp Pro Ile Glu			
205	210	215	220
GCC TTT CCT GCC CCT GAG GAA GTC AAT TAC ACG AAG AAG ATC AAG CTG			841

Ala Phe Pro Ala Pro Glu Glu Val Asn Tyr Thr Lys Lys Ile Lys Leu	
225 230 235	
AGT GGG CTG GCC CTG GAC CAC AAG GTG ACA GGT GAC CTC TTC TAC ACC	889
Ser Gly Leu Ala Leu Asp His Lys Val Thr Gly Asp Leu Phe Tyr Thr	
240 245 250	
CAT GTG ACC ACC ATG GGC CAG AGG CTC AGC CAG AAG GCC CCC AGC CTG	937
His Val Thr Thr Met Gly Gln Arg Leu Ser Gln Lys Ala Pro Ser Leu	
255 260 265	
GAG GAC GGT TCG GAT GCC TTC ATG TCA CCC CAG GAT GTT CGG GGC ACC	985
Glu Asp Gly Ser Asp Ala Phe Met Ser Pro Gln Asp Val Arg Gly Thr	
270 275 280	
TCA GAA AAC CTT CCT GAG AGG TCT GTC CCC TTA CGC AAG AGC CTC TGC	1033
Ser Glu Asn Leu Pro Glu Arg Ser Val Pro Leu Arg Lys Ser Leu Cys	
285 290 295 300	
TCC CCC ACT TTC CTG TGG AGC CTC CTC ACC ATG GGC ATG ACC CAG CTG	1081
Ser Pro Thr Phe Leu Trp Ser Leu Leu Thr Met Gly Met Thr Gln Leu	
305 310 315	
CGG ATC ATC TTC TAC ATG GCT GCT GTG AAC AAG ATG CTG GAG TAC CTT	1129
Arg Ile Ile Phe Tyr Met Ala Ala Val Asn Lys Met Leu Glu Tyr Leu	
320 325 330	
GTG ACT GGT GGC CAG GAG CAT GAG ACA AAT GAA CAG CAA CAA AAG GTG	1177
Val Thr Gly Gly Gln Glu His Glu Thr Asn Glu Gln Gln Gln Lys Val	
335 340 345	
GCA GAG ACA GTT GGG TTC TAC TCC TCC GTC TTC GGG GCC ATG CAG CTG	1225
Ala Glu Thr Val Gly Phe Tyr Ser Ser Val Phe Gly Ala Met Gln Leu	
350 355 360	
TTG TGC CTT CTC ACC TGC CCC CTC ATT GGC TAC ATC ATG GAC TGG CGG	1273
Leu Cys Leu Leu Thr Cys Pro Leu Ile Gly Tyr Ile Met Asp Trp Arg	
365 370 375 380	

ATC AAG GAC TGC GTG GAC GCC CCA ACT CAG GGC ACT GTC CTC GGA GAT	1321
Ile Lys Asp Cys Val Asp Ala Pro Thr Gln Gly Thr Val Leu Gly Asp	
385 390 395	
GCC AGG GAC GGG GTT GCT ACC AAA TCC ATC AGA CCA CGC TAC TGC AAG	1369
Ala Arg Asp Gly Val Ala Thr Lys Ser Ile Arg Pro Arg Tyr Cys Lys	
400 405 410	
ATC CAA AAG CTC ACC AAT GCC ATC AGT GCC TTC ACC CTG ACC AAC CTG	1417
Ile Gln Lys Leu Thr Asn Ala Ile Ser Ala Phe Thr Leu Thr Asn Leu	
415 420 425	
CTG CTT GTG GGT TTT GGC ATC ACC TGT CTC ATC AAC AAC TTA CAC CTC	1465
Leu Leu Val Gly Phe Gly Ile Thr Cys Leu Ile Asn Asn Leu His Leu	
430 435 440	
CAG TTT GTG ACC TTT GTC CTG CAC ACC ATT GTT CGA GGT TTC TTC CAC	1513
Gln Phe Val Thr Phe Val Leu His Thr Ile Val Arg Gly Phe Phe His	
445 450 455 460	
TCA GCC TGT GGG AGT CTC TAT GCT GCA GTG TTC CCA TCC AAC CAC TTT	1561
Ser Ala Cys Gly Ser Leu Tyr Ala Ala Val Phe Pro Ser Asn His Phe	
465 470 475	
GGG ACG CTG ACA GGC CTG CAG TCC CTC ATC AGT GCT GTG TTC GCC TTG	1609
Gly Thr Leu Thr Gly Leu Gln Ser Leu Ile Ser Ala Val Phe Ala Leu	
480 485 490	
CTT CAG CAG CCA CTT TTC ATG GCG ATG GTG GGA CCC CTG AAA GGA GAG	1657
Leu Gln Gln Pro Leu Phe Met Ala Met Val Gly Pro Leu Lys Gly Glu	
495 500 505	
CCC TTC TGG GTG AAT CTG GGC CTC CTG CTA TTC TCA CTC CTG GGA TTC	1705
Pro Phe Trp Val Asn Leu Gly Leu Leu Leu Phe Ser Leu Leu Gly Phe	
510 515 520	
CTG TTG CCT TCC TAC CTC TTC TAT TAC CGT GCC CGG CTC CAG CAG GAG	1753
Leu Leu Pro Ser Tyr Leu Phe Tyr Tyr Arg Ala Arg Leu Gln Gln Glu	

525	530	535	540	
TAC GCC GCC AAT GGG ATG GGC CCA CTG AAG GTG CTT AGC GGC TCT GAG				1801
Tyr Ala Ala Asn Gly Met Gly Pro Leu Lys Val Leu Ser Gly Ser Glu				
	545	550	555	
GTG ACC GCA TAGACTTCTC AGACCAAGGG ACCTGGATGA				1840
Val Thr Ala				

CAGGCAATCA AGGCCTGAGC AACCAAAAGG AGTGCCCCAT ATGGCTTTTC TACCTGTAAC	1900
ATGCACATAG AGCCATGGCC GTAGATTTAT AAATACCAAG AGAAGTTCTA TTTTGTAAA	1960
GACTGCAAAA AGGAGGAAAA AAAAACCTTC AAAAACGCCC CCTAAGTCAA CGCTCCATTG	2020
ACTGAAGACA GTCCCTATCC TAGAGGGGTT GAGCCTTCTT CCTCCTTGGG TTGGAGGAGA	2080
CCAGGGTGCC TCTTATCTCC TTCTAGCGGT CTGCCTCTG GTACCTCTTG GGGGGATCGG	2140
CAAACAGGCT ACCCCTGAGG TCCCATGTGC CATGAGTGTG CACACATGCA TGTGTCTGTG	2200
TATGTGTGAA TGTGAGAGAG ACACAGCCCT CCTTTCAGAA GGAAAGGGGC CTGAGGTGCC	2260
AGCTGTGTCC TGGGTTAGGG GTTGGGGGTC GGCCCTTCC AGGGCCAGGA GGGCAGGTTC	2320
CCTCTCTGGT GCTGCTGCTT GCAAGTCTTA GAGGAAATAA AAAGGGAAGT GAG	2373

【0199】

配列番号：72

配列の長さ：1316

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：U-2 OS

クローン名：HP10304

配列の特徴：



特徴を表す記号：CDS

存在位置：11...1003

特徴を決定した方法：E

配列

GTTGTCCAAG ATG GAG GGC GCT CCA CCG GGG TCG CTC GCC CTC CGG CTC	49
Met Glu Gly Ala Pro Pro Gly Ser Leu Ala Leu Arg Leu	
1 5 10	
CTG CTG TTC GTG GCG CTA CCC GCC TCC GGC TGG CTG ACG ACG GGC GCC	97
Leu Leu Phe Val Ala Leu Pro Ala Ser Gly Trp Leu Thr Thr Gly Ala	
15 20 25	
CCC GAG CCG CCG CCG CTG TCC GGA GCC CCA CAG GAC GGC ATC AGA ATT	145
Pro Glu Pro Pro Pro Leu Ser Gly Ala Pro Gln Asp Gly Ile Arg Ile	
30 35 40 45	
AAT GTA ACT ACA CTG AAA GAT GAT GGG GAC ATA TCT AAA CAG CAG GTT	193
Asn Val Thr Thr Leu Lys Asp Asp Gly Asp Ile Ser Lys Gln Gln Val	
50 55 60	
GTT CTT AAC ATA ACC TAT GAG AGT GGA CAG GTG TAT GTA AAT GAC TTA	241
Val Leu Asn Ile Thr Tyr Glu Ser Gly Gln Val Tyr Val Asn Asp Leu	
65 70 75	
CCT GTA AAT AGT GGT GTA ACC CGA ATA AGC TGT CAG ACT TTG ATA GTG	289
Pro Val Asn Ser Gly Val Thr Arg Ile Ser Cys Gln Thr Leu Ile Val	
80 85 90	
AAG AAT GAA AAT CTT GAA AAT TTG GAG GAA AAA GAA TAT TTT GGA ATT	337
Lys Asn Glu Asn Leu Glu Asn Leu Glu Glu Lys Glu Tyr Phe Gly Ile	
95 100 105	
GTC AGT GTA AGG ATT TTA GTT CAT GAG TGG CCT ATG ACA TCT GGT TCC	385
Val Ser Val Arg Ile Leu Val His Glu Trp Pro Met Thr Ser Gly Ser	
110 115 120 125	
AGT TTG CAA CTA ATT GTC ATT CAA GAA GAG GTA GTA GAG ATT GAT GGA	433

Ser	Leu	Gln	Leu	Ile	Val	Ile	Gln	Glu	Glu	Val	Val	Glu	Ile	Asp	Gly	
				130					135					140		
AAA	CAA	GTT	CAG	CAA	AAG	GAT	GTC	ACT	GAA	ATT	GAT	ATT	TTA	GTT	AAG	481
Lys	Gln	Val	Gln	Gln	Lys	Asp	Val	Thr	Glu	Ile	Asp	Ile	Leu	Val	Lys	
				145					150					155		
AAC	CGG	GGA	GTA	CTC	AGA	CAT	TCA	AAC	TAT	ACC	CTC	CCT	TTG	GAA	GAA	529
Asn	Arg	Gly	Val	Leu	Arg	His	Ser	Asn	Tyr	Thr	Leu	Pro	Leu	Glu	Glu	
				160					165					170		
AGC	ATG	CTC	TAC	TCT	ATT	TCT	CGA	GAC	AGT	GAC	ATT	TTA	TTT	ACC	CTT	577
Ser	Met	Leu	Tyr	Ser	Ile	Ser	Arg	Asp	Ser	Asp	Ile	Leu	Phe	Thr	Leu	
				175					180					185		
CCT	AAC	CTC	TCC	AAA	AAA	GAA	AGT	GTT	AGT	TCA	CTG	CAA	ACC	ACT	AGC	625
Pro	Asn	Leu	Ser	Lys	Lys	Glu	Ser	Val	Ser	Ser	Leu	Gln	Thr	Thr	Ser	
				190					195					200		205
CAG	TAT	CTT	ATC	AGG	AAT	GTG	GAA	ACC	ACT	GTA	GAT	GAA	GAT	GTT	TTA	673
Gln	Tyr	Leu	Ile	Arg	Asn	Val	Glu	Thr	Thr	Val	Asp	Glu	Asp	Val	Leu	
				210					215					220		
CCT	GGC	AAG	TTA	CCT	GAA	ACT	CCT	CTC	AGA	GCA	GAG	CCG	CCA	TCT	TCA	721
Pro	Gly	Lys	Leu	Pro	Glu	Thr	Pro	Leu	Arg	Ala	Glu	Pro	Pro	Ser	Ser	
				225					230					235		
TAT	AAG	GTA	ATG	TGT	CAG	TGG	ATG	GAA	AAG	TTT	AGA	AAA	GAT	CTG	TGT	769
Tyr	Lys	Val	Met	Cys	Gln	Trp	Met	Glu	Lys	Phe	Arg	Lys	Asp	Leu	Cys	
				240					245					250		
AGG	TTC	TGG	AGC	AAC	GTT	TTC	CCA	GTA	TTC	TTT	CAG	TTT	TTG	AAC	ATC	817
Arg	Phe	Trp	Ser	Asn	Val	Phe	Pro	Val	Phe	Phe	Gln	Phe	Leu	Asn	Ile	
				255					260					265		
ATG	GTG	GTT	GGA	ATT	ACA	GGA	GCA	GCT	GTG	GTA	ATA	ACC	ATC	TTA	AAG	865
Met	Val	Val	Gly	Ile	Thr	Gly	Ala	Ala	Val	Val	Ile	Thr	Ile	Leu	Lys	
				270					275					280		285

GTG TTT TTC CCA GTT TCT GAA TAC AAA GGA ATT CTT CAG TTG GAT AAA	913
Val Phe Phe Pro Val Ser Glu Tyr Lys Gly Ile Leu Gln Leu Asp Lys	
290 295 300	
GTG GAC GTC ATA CCT GTG ACA GCT ATC AAC TTA TAT CCA GAT GGT CCA	961
Val Asp Val Ile Pro Val Thr Ala Ile Asn Leu Tyr Pro Asp Gly Pro	
305 310 315	
GAG AAA AGA GCT GAA AAC CTT GAA GAT AAA ACA TGT ATT TAAAACGCCA	1010
Glu Lys Arg Ala Glu Asn Leu Glu Asp Lys Thr Cys Ile	
320 325 330	
TCTCATATCA TGGACTCCGA AGTAGCCTGT TGCCTCCAAA TTTGCCACTT GAATATAATT	1070
TTCTTTAAAT CGTTAAGAAT CAGTTTATAC ACTAGAGAAA TTGCTAAACT CTAAGACTGC	1130
CTGAAAATTG ACCTTTACAG TGCCAAGTTA AAGTTTACCT TATTCTCGGC CGGGTGCAGT	1190
GGCTCATGCC TGTAATCCCA GGACTTTGGG AGGCCAATGC GGGCGGATCA CGAGGTCAGA	1250
TCAAGACCAT CCTGCCAACA TGGTGAAACC CTGTCTCTAC TAAAAAAAAT AAAAAAGTTA	1310
GCTGGG	1316

【0200】

配列番号：73

配列の長さ：893

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：U-2 OS

クローン名：HP10305

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：110...436

特徴を決定した方法：E

配列

ATCGCGGAGT CGGTGCTTTA GTACGCCGCT GGCACCTTTA CTCTCGCCGG CCGCGCGAAC	60
CCGTTTGAGC TCGGTATCCT AGTGACACG CCTTGCAAGC GACGGCGCC ATG AGT CTG	118
Met Ser Leu	
1	
ACT TCC AGT TCC AGC GTA CGA GTT GAA TGG ATC GCA GCA GTT ACC ATT	166
Thr Ser Ser Ser Ser Val Arg Val Glu Trp Ile Ala Ala Val Thr Ile	
5 10 15	
GCT GCT GGG ACA GCT GCA ATT GGT TAT CTA GCT TAC AAA AGA TTT TAT	214
Ala Ala Gly Thr Ala Ala Ile Gly Tyr Leu Ala Tyr Lys Arg Phe Tyr	
20 25 30 35	
GTT AAA GAT CAT CGA AAT AAA GCT ATG ATA AAC CTT CAC ATC CAG AAA	262
Val Lys Asp His Arg Asn Lys Ala Met Ile Asn Leu His Ile Gln Lys	
40 45 50	
GAC AAC CCC AAG ATA GTA CAT GCT TTT GAC ATG GAG GAT TTG GGA GAT	310
Asp Asn Pro Lys Ile Val His Ala Phe Asp Met Glu Asp Leu Gly Asp	
55 60 65	
AAA GCT GTG TAC TGC CGT TGT TGG AGG TCC AAA AAG TTC CCA TTC TGT	358
Lys Ala Val Tyr Cys Arg Cys Trp Arg Ser Lys Lys Phe Pro Phe Cys	
70 75 80	
GAT GGG GCT CAC ACA AAA CAT AAC GAA GAG ACT GGA GAC AAT GTG GGC	406
Asp Gly Ala His Thr Lys His Asn Glu Glu Thr Gly Asp Asn Val Gly	
85 90 95	
CCT CTG ATC ATC AAG AAA AAA GAA ACT TAAATGGACA CTTTGA	450
Pro Leu Ile Ile Lys Lys Lys Glu Thr	
100 105	
TGCTGCAAAT CAGCTTGTCG TGAAGTTACC TGATTGTTTA ATTAGAATGA CTACCACCTC	510

TGCTGATTC ACCTTCGCTG GATTCTAAAT GTGGTATATT GCAAAC TGCA GCTTTCACAT	570
TTATGGCATT TGTCTTGTG AAACATCGTG GTGCACATTT GTTTAAACAA AAAAAAAAAA	630
AAAAAGGAAA AACCAACCTC ATGGCCTGTG GGTTATTTTG GTCTTGTAAG GATCCATTTC	690
TTTAAAATAC TGACATATAG AGTTGTACCT TATATAGAAT ATAGTTGTAT CTTGAAGTCA	750
ACATATTAAA TTATTCTCAA AATTATGTAT TTGCAGATTG TACTTGTAAG TTTCAAAGAA	810
AAATTACCAT CTTTTCATAT TGACCTGGAA ACTAAATAGG ATGTGATTCA GCTACATTAA	870
TTTCTTAATA CAATCTAGGA AAG	893

【0201】

配列番号：74

配列の長さ：690

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：骨肉腫

セルライン：U-2 OS

クローン名：HP10306

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：230...535

特徴を決定した方法：E

配列

TAACAGCGCA TCGTGCAGT GTTGCCCTCGC CCAAAGAAGA CTACAATCTC CAGGGAAACC	60
TGGGGCGTCT CGCGCAAACG TCCATAACTG AAAGTAGCTA AGGCACCCCA GCCGGAGGAA	120
GTGAGCTCTC CTGGGGCGTG GTTGTTCGTG ATCCTTGCAT CTGTTACTTA GGGTCAAGGC	180
TTGGGTCTTG CCCC GCAGAC CCTTGGGACG ACCCGGCCCC AGCGCAGCT ATG AAC CTG	238

Met Asn Leu

1

GAG CGA GTG TCC AAT GAG GAG AAA TTG AAC CTG TGC CGG AAG TAC TAC	286
Glu Arg Val Ser Asn Glu Glu Lys Leu Asn Leu Cys Arg Lys Tyr Tyr	
5 10 15	
CTG GGG GGG TTT GCT TTC CTG CCT TTT CTC TGG TTG GTC AAC ATC TTC	334
Leu Gly Gly Phe Ala Phe Leu Pro Phe Leu Trp Leu Val Asn Ile Phe	
20 25 30 35	
TGG TTC TTC CGA GAG GCC TTC CTT GTC CCA GCC TAC ACA GAA CAG AGC	382
Trp Phe Phe Arg Glu Ala Phe Leu Val Pro Ala Tyr Thr Glu Gln Ser	
40 45 50	
CAA ATC AAA GGC TAT GTC TGG CGC TCA GCT GTG GGC TTC CTC TTC TGG	430
Gln Ile Lys Gly Tyr Val Trp Arg Ser Ala Val Gly Phe Leu Phe Trp	
55 60 65	
GTG ATA GTG CTC ACC TCC TGG ATC ACC ATC TTC CAG ATC TAC CGG CCC	478
Val Ile Val Leu Thr Ser Trp Ile Thr Ile Phe Gln Ile Tyr Arg Pro	
70 75 80	
CGC TGG GGT GCC CTT GGG GAC TAC CTC TCC TTC ACC ATA CCC CTG GGC	526
Arg Trp Gly Ala Leu Gly Asp Tyr Leu Ser Phe Thr Ile Pro Leu Gly	
85 90 95	
ACC CCC TGACAACTTC TGCACATACT GGGGCCCTGC TTATTCTCCC AGGACAGG	580
Thr Pro	
100	
CTCCTTAAAG CAGAGGAGCC TGTCTGGGA GCCCCTTCTC AAACCTCCTAA GACTTGTTTT	640
CATGTCCCAC GTTCTCTGCT GACATCCCCC AATAAAGGAC CCTAACTTTC	690

【0202】

配列番号：75

配列の長さ：2186

配列の型：核酸

鎖の数：二本鎖

トポロジー：直鎖状

配列の種類：cDNA to mRNA

起源：

生物名：ホモ=サピエンス

細胞の種類：類表皮癌

セルライン：KB

クローン名：HP10328

配列の特徴：

特徴を表す記号：CDS

存在位置：118..1236

特徴を決定した方法：E

配列

ACTCTTTCTT CGGCTCGCGA GCTGAGAGGA GCAGGTAGAG GGGCAGAGGC GGGACTGTCG	60
TCTGGGGGAG CCGCCCAGGA GGCTCCTCAG GCCGACCCCA GACCCTGGCT GGCCAGG	117
ATG AAG TAT CTC CGG CAC CGG CGG CCC AAT GCC ACC CTC ATT CTG GCC	165
Met Lys Tyr Leu Arg His Arg Arg Pro Asn Ala Thr Leu Ile Leu Ala	
1 5 10 15	
ATC GGC GCT TTC ACC CTC CTC CTC TTC AGT CTG CTA GTG TCA CCA CCC	213
Ile Gly Ala Phe Thr Leu Leu Leu Phe Ser Leu Leu Val Ser Pro Pro	
20 25 30	
ACC TGC AAG GTC CAG GAG CAG CCA CCG GCG ATC CCC GAG GCC CTG GCC	261
Thr Cys Lys Val Gln Glu Gln Pro Pro Ala Ile Pro Glu Ala Leu Ala	
35 40 45	
TGG CCC ACT CCA CCC ACC CGC CCA GCC CCG GCC CCG TGC CAT GCC AAC	309
Trp Pro Thr Pro Pro Thr Arg Pro Ala Pro Ala Pro Cys His Ala Asn	
50 55 60	
ACC TCT ATG GTC ACC CAC CCG GAC TTC GCC ACG CAG CCG CAG CAC GTT	357
Thr Ser Met Val Thr His Pro Asp Phe Ala Thr Gln Pro Gln His Val	
65 70 75 80	

CAG AAC TTC CTC CTG TAC AGA CAC TGC CGC CAC TTT CCC CTG CTG CAG	405
Gln Asn Phe Leu Leu Tyr Arg His Cys Arg His Phe Pro Leu Leu Gln	
85 90 95	
GAC GTG CCC CCC TCT AAG TGC GCG CAG CCG GTC TTC CTG CTG CTG GTG	453
Asp Val Pro Pro Ser Lys Cys Ala Gln Pro Val Phe Leu Leu Leu Val	
100 105 110	
ATC AAG TCC TCC CCT AGC AAC TAT GTG CGC CGC GAG CTG CTG CGG CGC	501
Ile Lys Ser Ser Pro Ser Asn Tyr Val Arg Arg Glu Leu Leu Arg Arg	
115 120 125	
ACG TGG GGC CGC GAG CGC AAG GTA CGG GGT TTG CAG CTG CGC CTC CTC	549
Thr Trp Gly Arg Glu Arg Lys Val Arg Gly Leu Gln Leu Arg Leu Leu	
130 135 140	
TTC CTG GTG GGC ACA GCC TCC AAC CCG CAC GAG GCC CGC AAG GTC AAC	597
Phe Leu Val Gly Thr Ala Ser Asn Pro His Glu Ala Arg Lys Val Asn	
145 150 155 160	
CGG CTG CTG GAG CTG GAG GCA CAG ACT CAC GGA GAC ATC CTG CAG TGG	645
Arg Leu Leu Glu Leu Glu Ala Gln Thr His Gly Asp Ile Leu Gln Trp	
165 170 175	
GAC TTC CAC GAC TCC TTC TTC AAC CTC ACG CTC AAG CAG GTC CTG TTC	693
Asp Phe His Asp Ser Phe Phe Asn Leu Thr Leu Lys Gln Val Leu Phe	
180 185 190	
TTA CAG TGG CAG GAG ACA AGG TGC GCC AAC GCC AGC TTC GTG CTC AAC	741
Leu Gln Trp Gln Glu Thr Arg Cys Ala Asn Ala Ser Phe Val Leu Asn	
195 200 205	
GGG GAT GAT GAC GTC TTT GCA CAC ACA GAC AAC ATG GTC TTC TAC CTG	789
Gly Asp Asp Asp Val Phe Ala His Thr Asp Asn Met Val Phe Tyr Leu	
210 215 220	
CAG GAC CAT GAC CCT GGC CGC CAC CTC TTC GTG GGG CAA CTG ATC CAA	837
Gln Asp His Asp Pro Gly Arg His Leu Phe Val Gly Gln Leu Ile Gln	



225	230	235	240	
AAC GTG GGC CCC ATC CGG GCT TTT TGG AGC AAG TAC TAT GTG CCA GAG				885
Asn Val Gly Pro Ile Arg Ala Phe Trp Ser Lys Tyr Tyr Val Pro Glu				
	245	250	255	
GTG GTG ACT CAG AAT GAG CGG TAC CCA CCC TAT TGT GGG GGT GGT GGC				933
Val Val Thr Gln Asn Glu Arg Tyr Pro Pro Tyr Cys Gly Gly Gly Gly				
	260	265	270	
TTC TTG CTG TCC CGC TTC ACG GCC GCT GCC CTG CGC CGT GCT GCC CAT				981
Phe Leu Leu Ser Arg Phe Thr Ala Ala Ala Leu Arg Arg Ala Ala His				
	275	280	285	
GTC TTG GAC ATC TTC CCC ATT GAT GAT GTC TTC CTG GGT ATG TGT CTG				1029
Val Leu Asp Ile Phe Pro Ile Asp Asp Val Phe Leu Gly Met Cys Leu				
	290	295	300	
GAG CTT GAG GGA CTG AAG CCT GCC TCC CAC AGC GGC ATC CGC ACG TCT				1077
Glu Leu Glu Gly Leu Lys Pro Ala Ser His Ser Gly Ile Arg Thr Ser				
	305	310	315	320
GGC GTG CGG GCT CCA TCG CAA CAC CTG TCC TCC TTT GAC CCC TGC TTC				1125
Gly Val Arg Ala Pro Ser Gln His Leu Ser Ser Phe Asp Pro Cys Phe				
	325	330	335	
TAC CGA GAC CTG CTG CTG GTG CAC CGC TTC CTA CCT TAT GAG ATG CTG				1173
Tyr Arg Asp Leu Leu Leu Val His Arg Phe Leu Pro Tyr Glu Met Leu				
	340	345	350	
CTC ATG TGG GAT GCG CTG AAC CAG CCC AAC CTC ACC TGC GGC AAT CAG				1221
Leu Met Trp Asp Ala Leu Asn Gln Pro Asn Leu Thr Cys Gly Asn Gln				
	355	360	365	
ACA CAG ATC TAC TGAGTCAGCA TCAGGGTCCC CAGCCTCTGG GCTCCTG				1270
Thr Gln Ile Tyr				
	370			
TTTCCATAGG AAGGGGCGAC ACCTTCCTCC CAGGAAGCTG AGACCTTTGT GGTCTGAGCA				1330

TAAGGGAGTG CCAGGGAAGG TTTGAGGTTT GATGAGTGAA TATTCTGGCT GGCGAACTCC	1390
TACACATCCT TCAAAACCCA CCTGGTACTG TTCCAGCATC TTCCCTGGAT GGCTGGAGGA	1450
ACTCCAGAAA ATATCCATCT TCTTTTTGTG GCTGCTAATG GCAGAAAGTGC CTGTGCTAGA	1510
GTTCCAAGTG TGGATGCATC CGTCCCGTTT GAGTCAAAGT CTTACTTCCC TGCTCTCACC	1570
TACTCACAGA CGGGATGCTA AGCAGTGCAC CTGCAGTGGT TTAATGGCAG ATAAGCTCCG	1630
TCTGCAGTTC CAGGCCAGCC AGAAACTCCT GTGTCCACAT AGAGCTGACG TGAGAAATAT	1690
CTTTCAGCCC AGGAGAGAGG GGTCCCTGATC TTAACCCTTT CCTGGGTCTC AGACAACTCA	1750
GAAGGTTGGG GGGATACCAG AGAGGTGGTG GAATAGGACC GCCCCCTCCT TACTTGTGGG	1810
ATCAAATGCT GTAATGGTGG AGGTGTGGGC AGAGGAGGGA GGCAAGTGTC CTTTGAAAGT	1870
TGTGAGAGCT CAGAGTTTCT GGGGTCTCA TTAGGAGCCC CCATCCCTGT GTTCCCCAAG	1930
AATTCAGAGA ACAGCACTGG GGCTGGAATG ATCTTTAATG GGCCCAAGGC CAACAGGCAT	1990
ATGCCTCACT ACTGCCTGGA GAAGGGAGAG ATTCAGGTCC TCCAGCAGCC TCCCTCACCC	2050
AGTATGTTTT ACAGATTACG GGGGGACCGG GTGAGCCAGT GACCCCCTGC AGCCCCCAGC	2110
TTCAGGCCTC AGTGTCTGCC AGTCAAGCTT CACAGGCATT GTGATGGGGC AGCCTTGGGG	2170
AATATAAAAT TTTGTG	2186

【0203】

【図面の簡単な説明】

【図1】 分泌シグナル配列検出ベクター pSSD3 の構造を表す図である。

【図2】 クローンHP00442 がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図3】 クローンHP00804 がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図4】 クローンHP00804 のノザンブロットハイブリダイゼーションの結果を示す図である。

【図5】 クローンHP01098 がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図6】 クローンHP01148 がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロファイルを示す図である。

【図7】 クローンHP01148 のノザンブロットハイブリダイゼーションの

結果を示す図である。

【図8】 クローンHP01293がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図9】 クローンHP10013がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図10】 クローンHP10034がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図11】 クローンHP10050がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図12】 クローンHP10071がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図13】 クローンHP10076がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図14】 クローンHP10085がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図15】 クローンHP10122がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図16】 クローンHP10136がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図17】 クローンHP10175がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図18】 クローンHP10179がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図19】 クローンHP10196がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図20】 クローンHP10235がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図21】 クローンHP10297がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図22】 クローンHP10299がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図23】 クローンHP10301がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図24】 クローンHP10302がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図25】 クローンHP10304がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

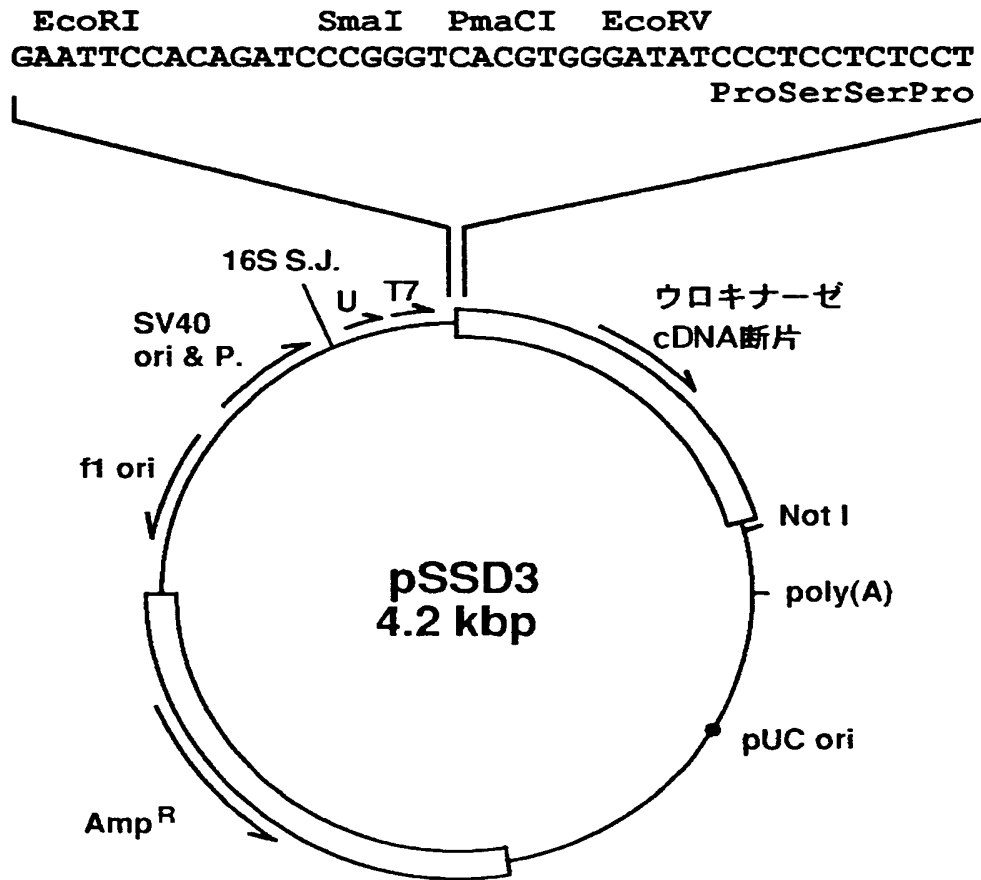
【図26】 クローンHP10305がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【図27】 クローンHP10306がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

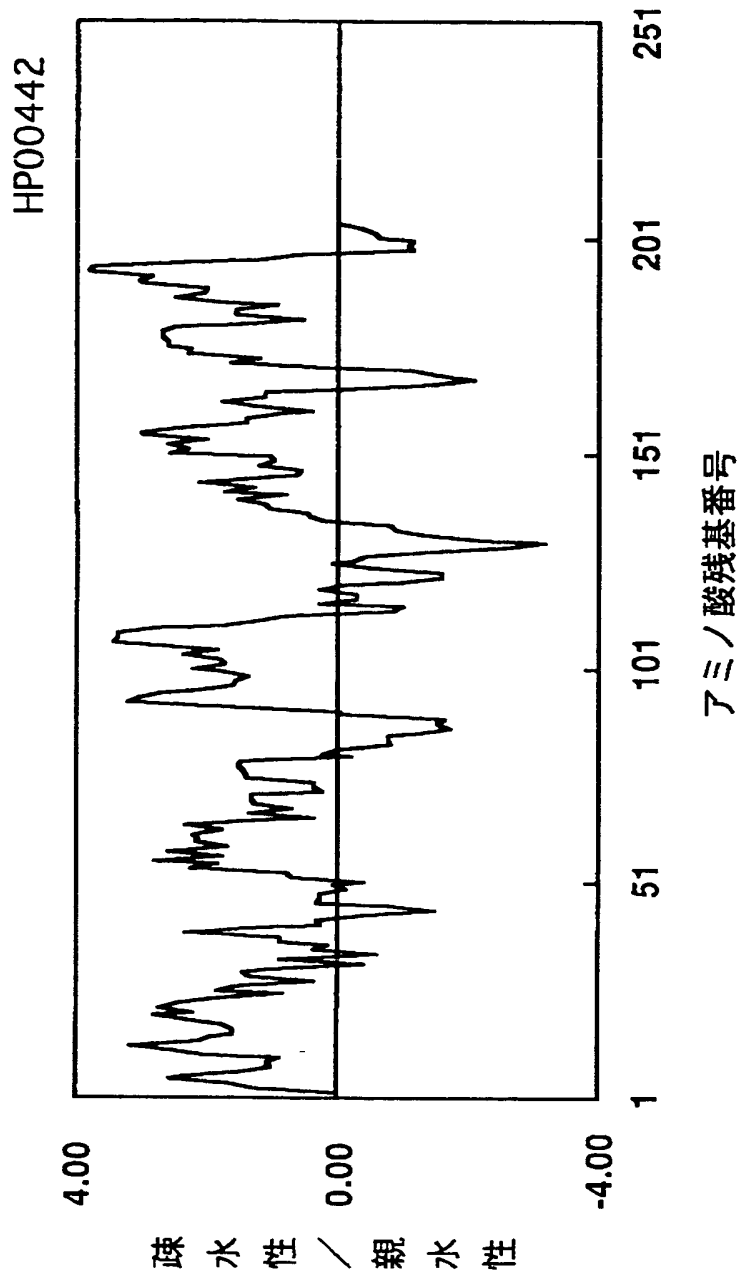
【図28】 クローンHP10328がコードする蛋白質の疎水性／親水性プロフィールを示す図である。

【書類名】 図面

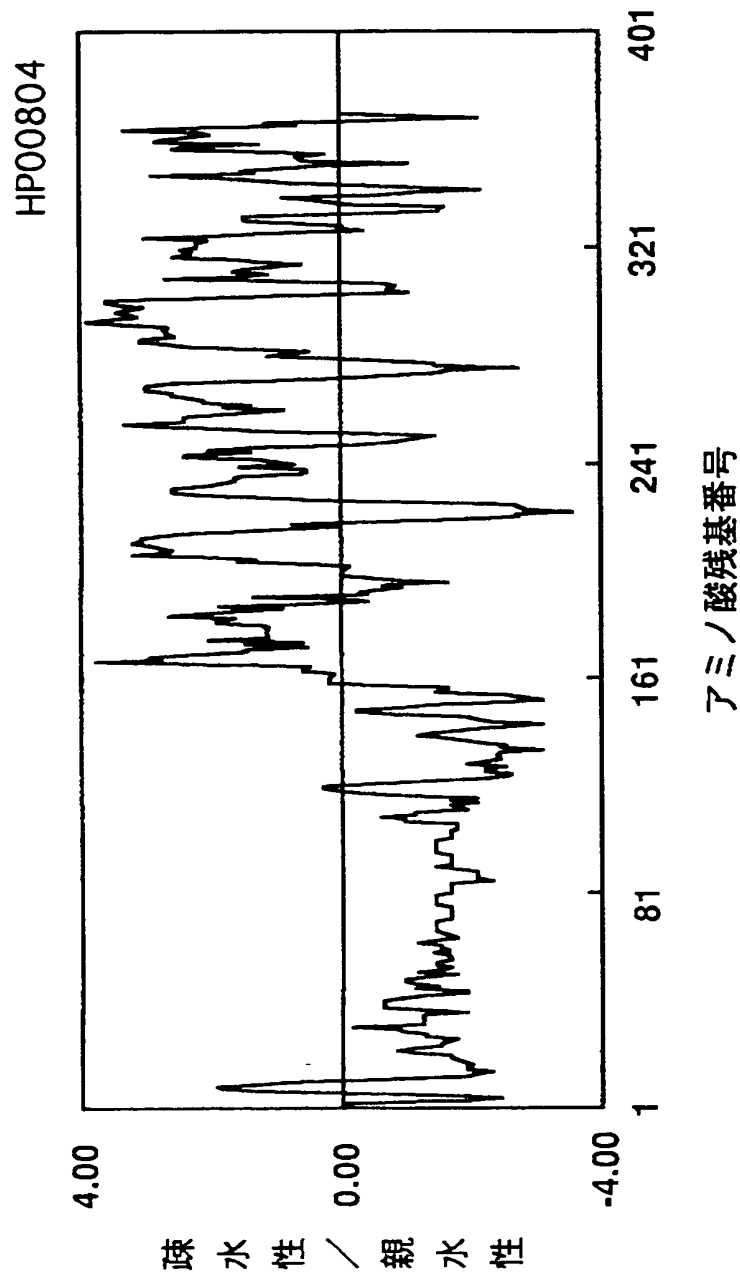
【図1】



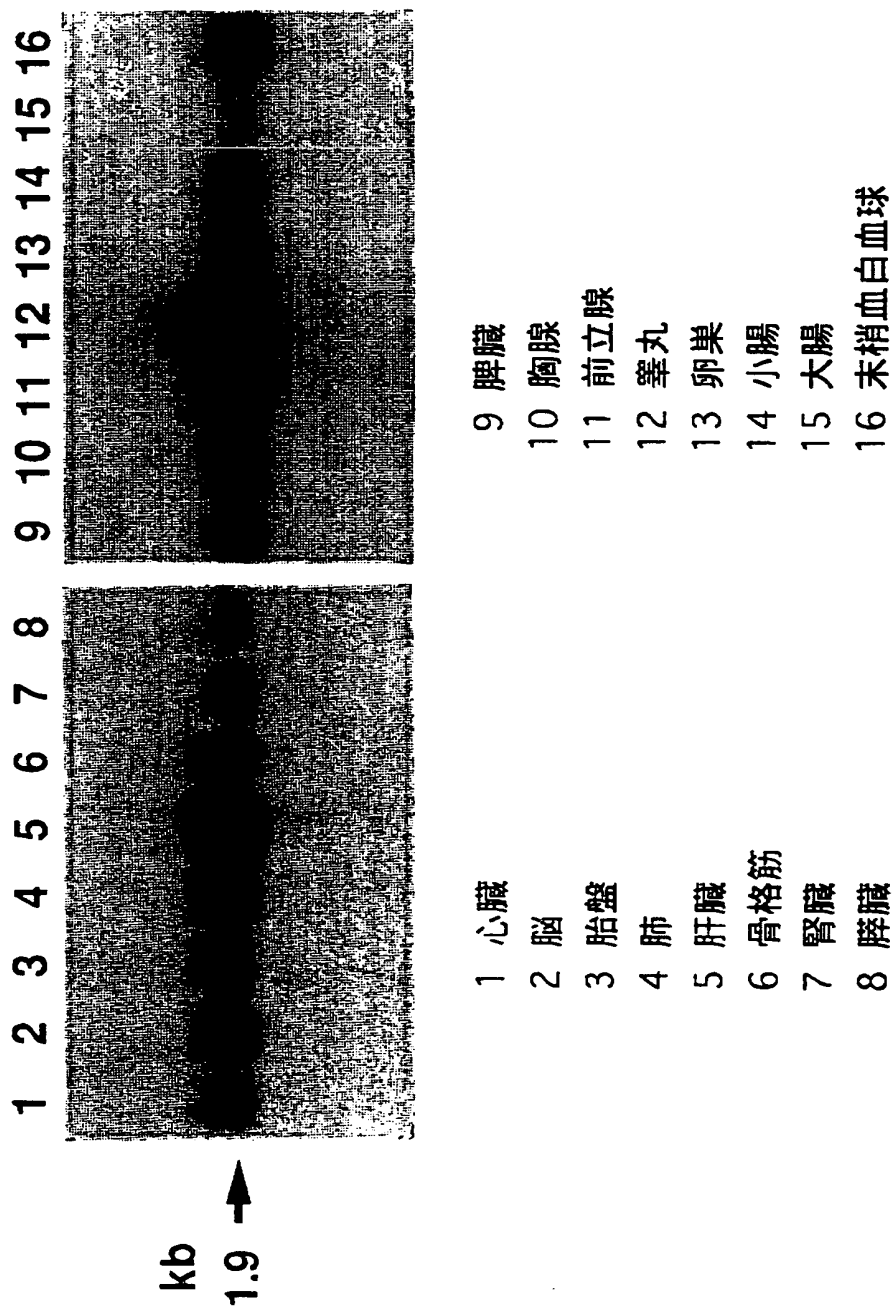
【図2】



【図3】

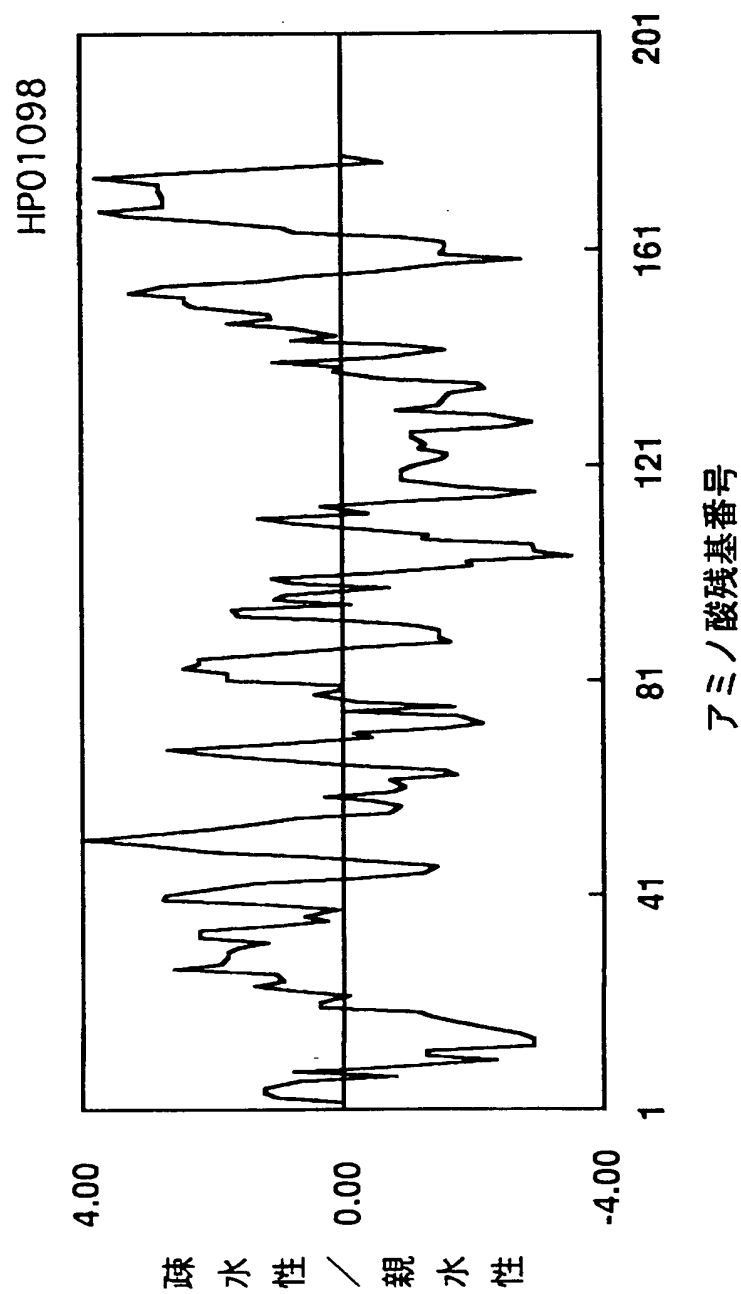


【図4】

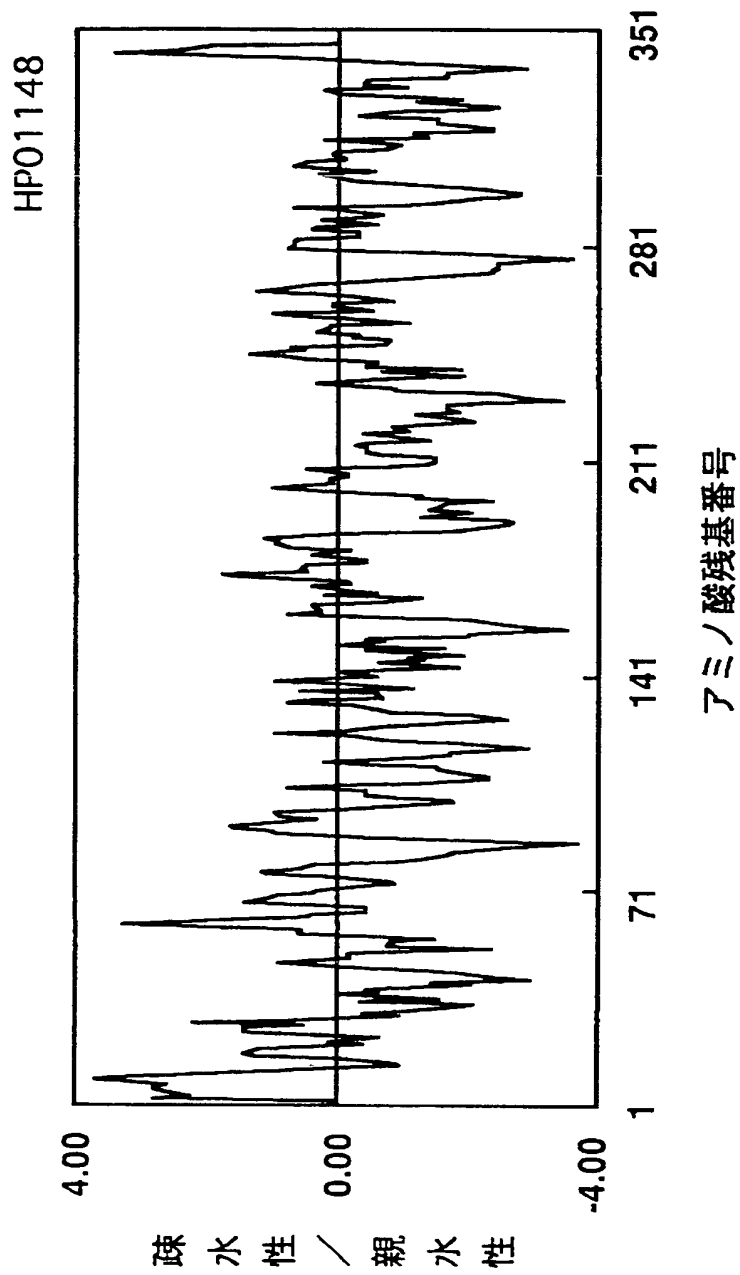




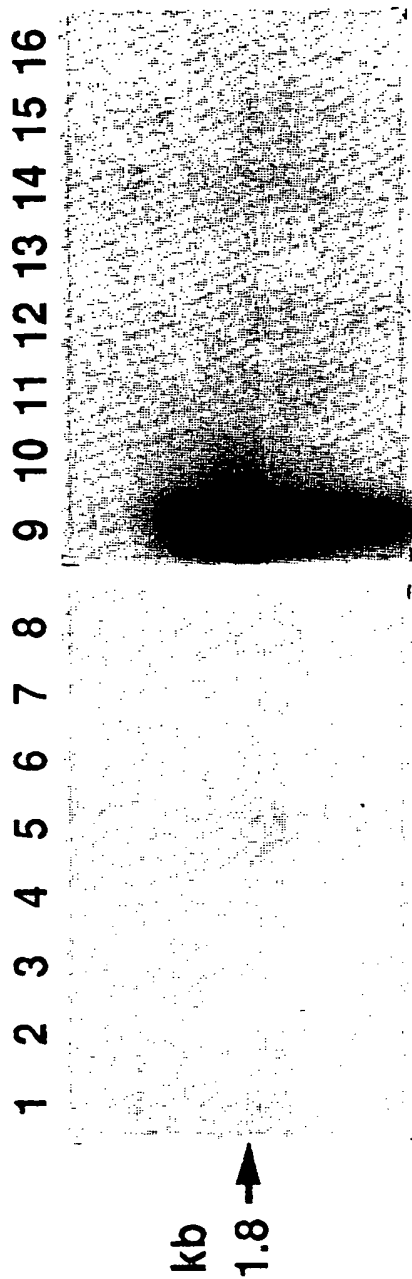
【図5】



【図6】

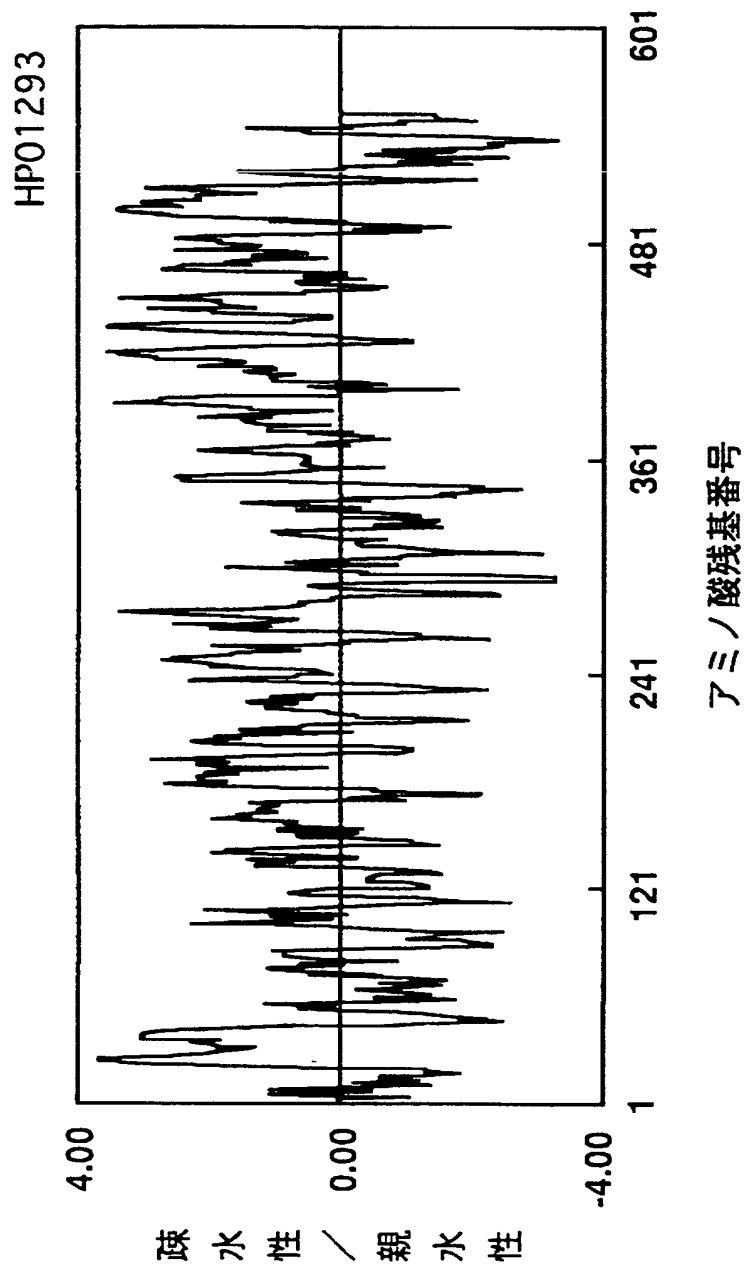


【图7】

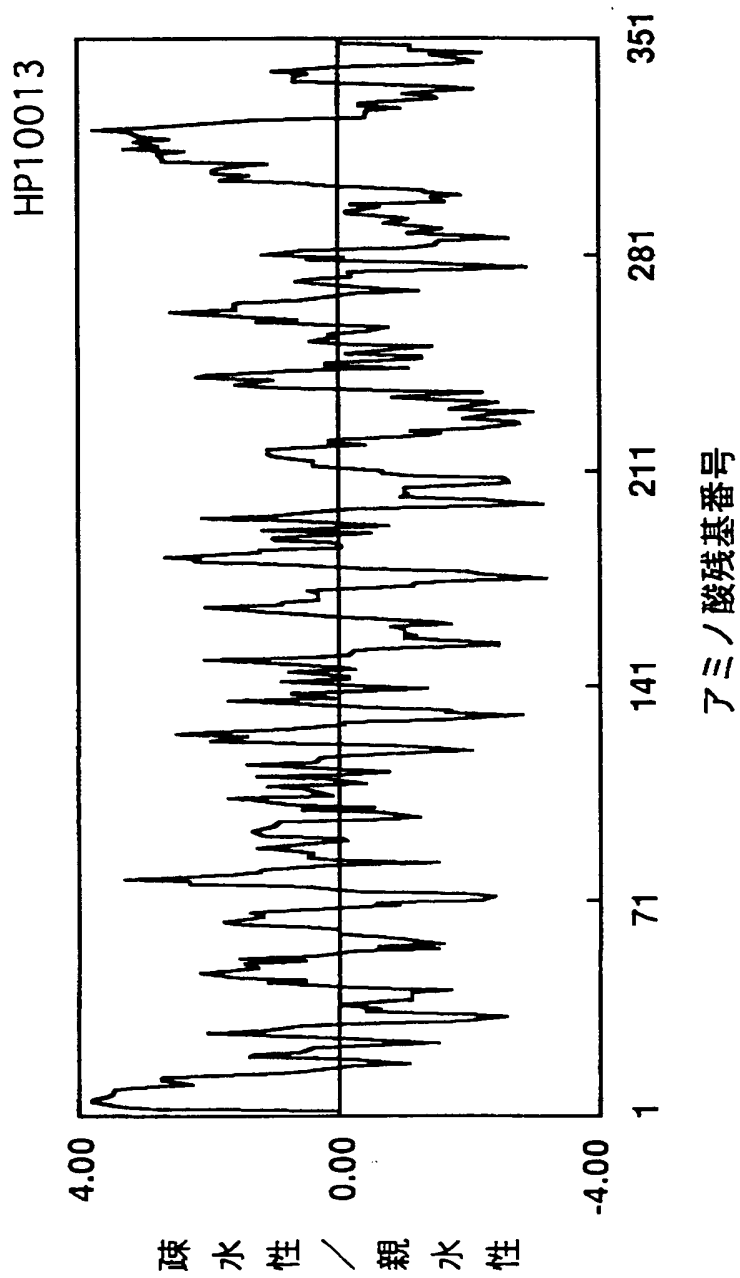


- |       |           |
|-------|-----------|
| 1 心臟  | 9 脾臟      |
| 2 腦   | 10 胸腺     |
| 3 胎盤  | 11 前立腺    |
| 4 肺   | 12 辜丸     |
| 5 肝臟  | 13 卵巢     |
| 6 骨骼筋 | 14 小腸     |
| 7 腎臟  | 15 大腸     |
| 8 脾臟  | 16 末梢血白血球 |

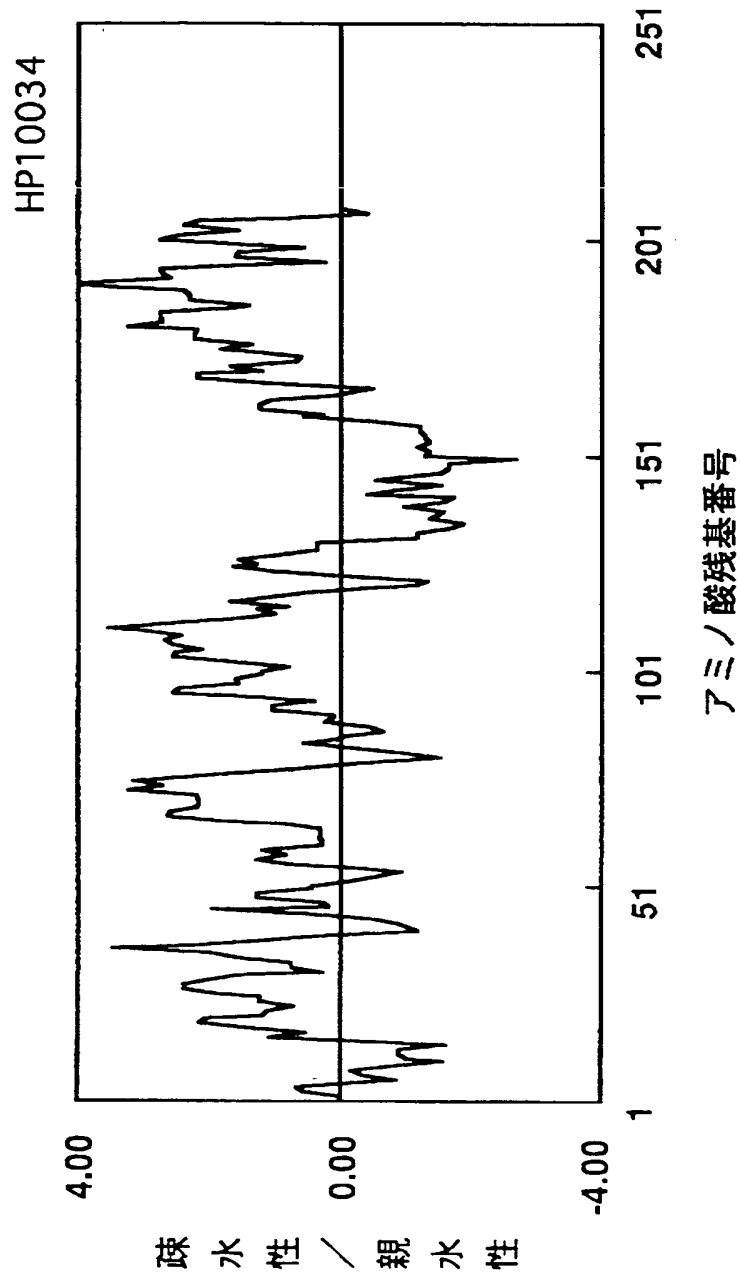
【図8】



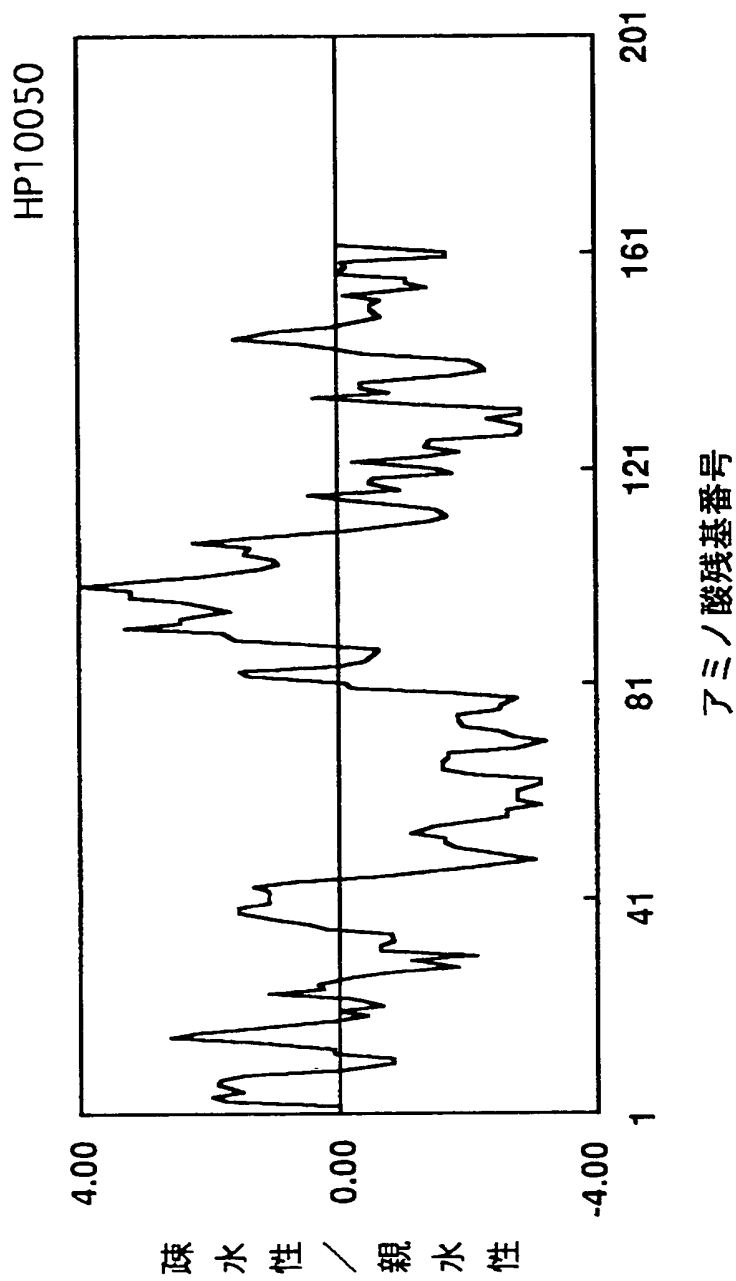
【図9】



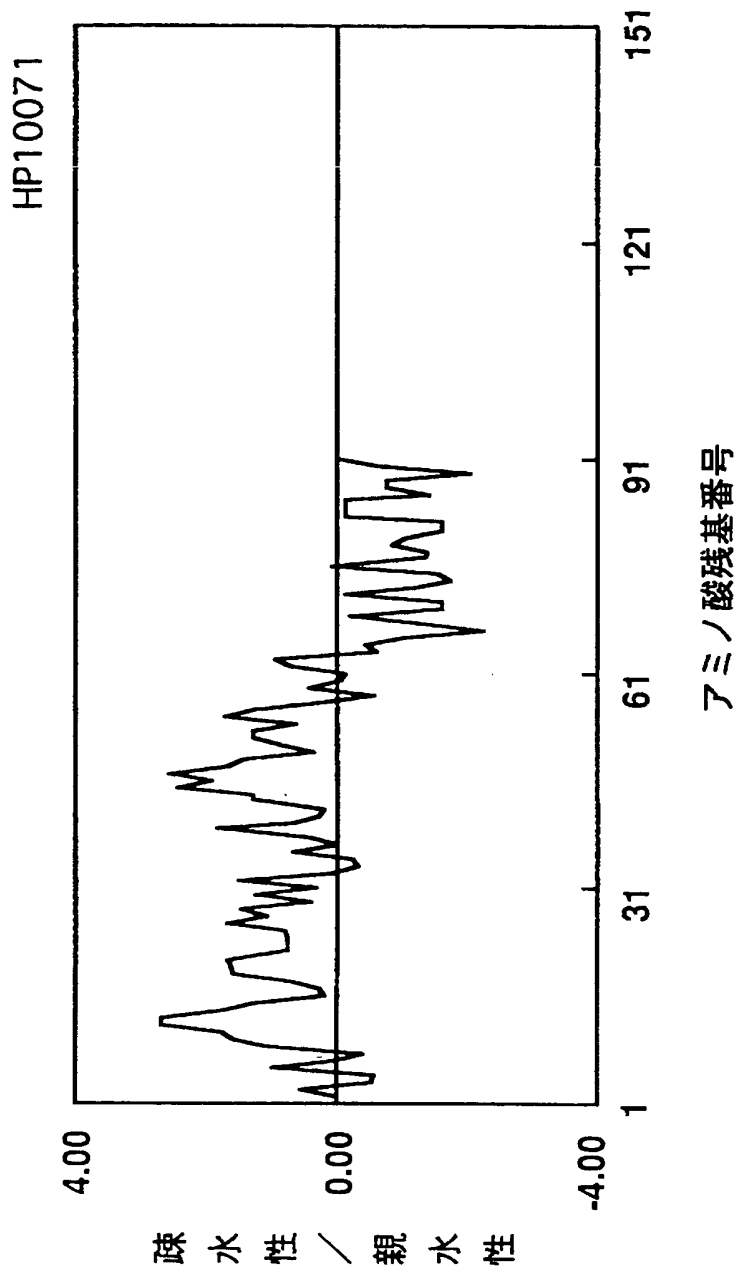
【図10】



【図11】

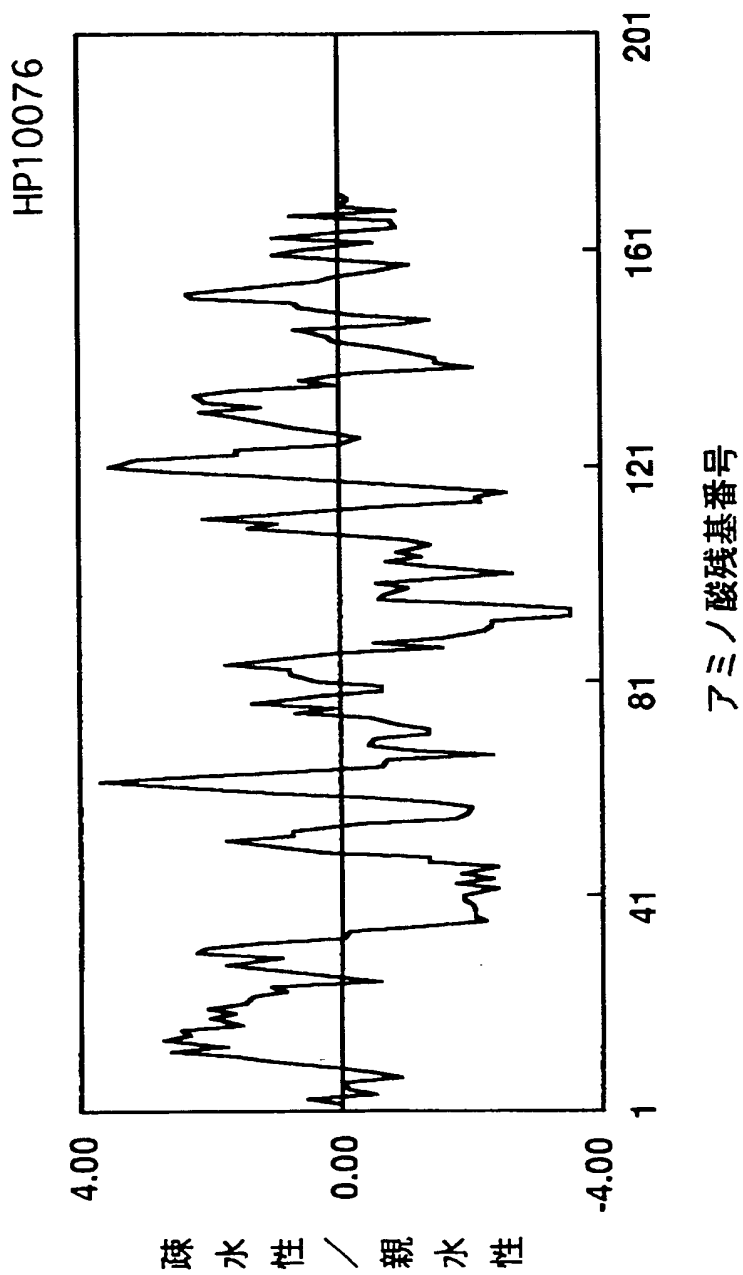


【図12】

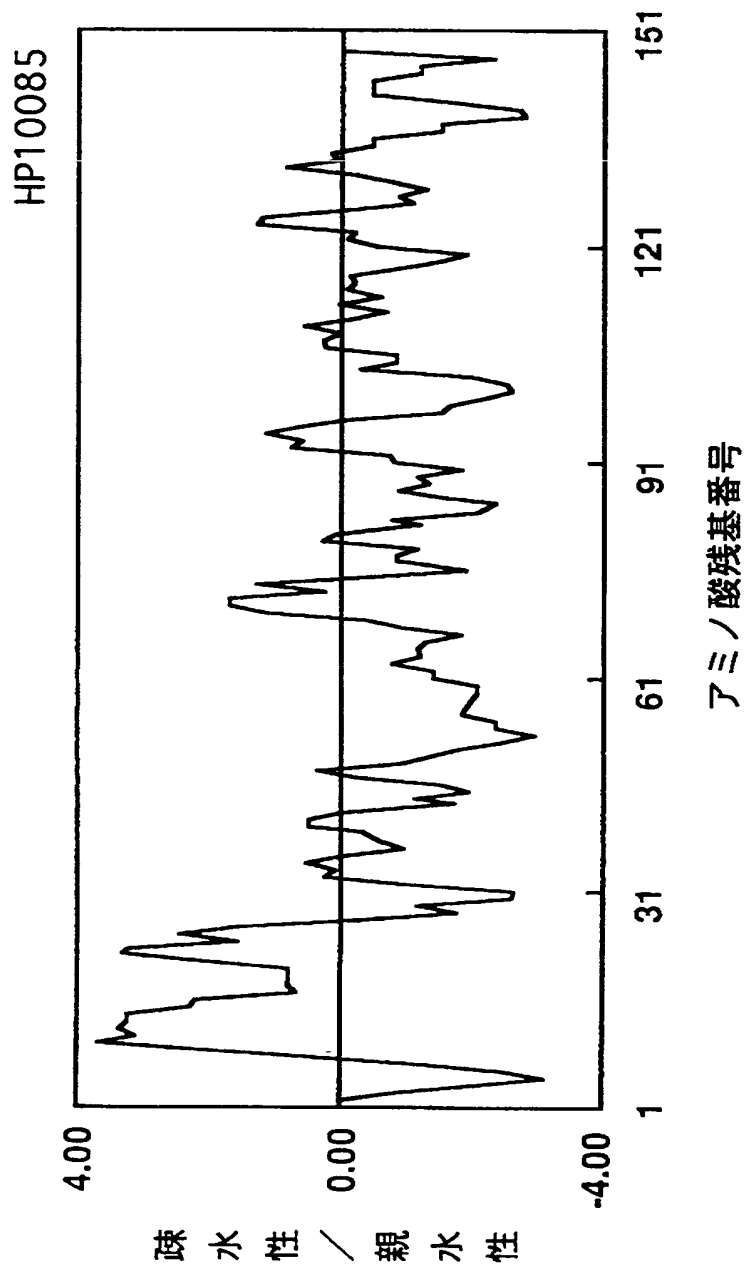




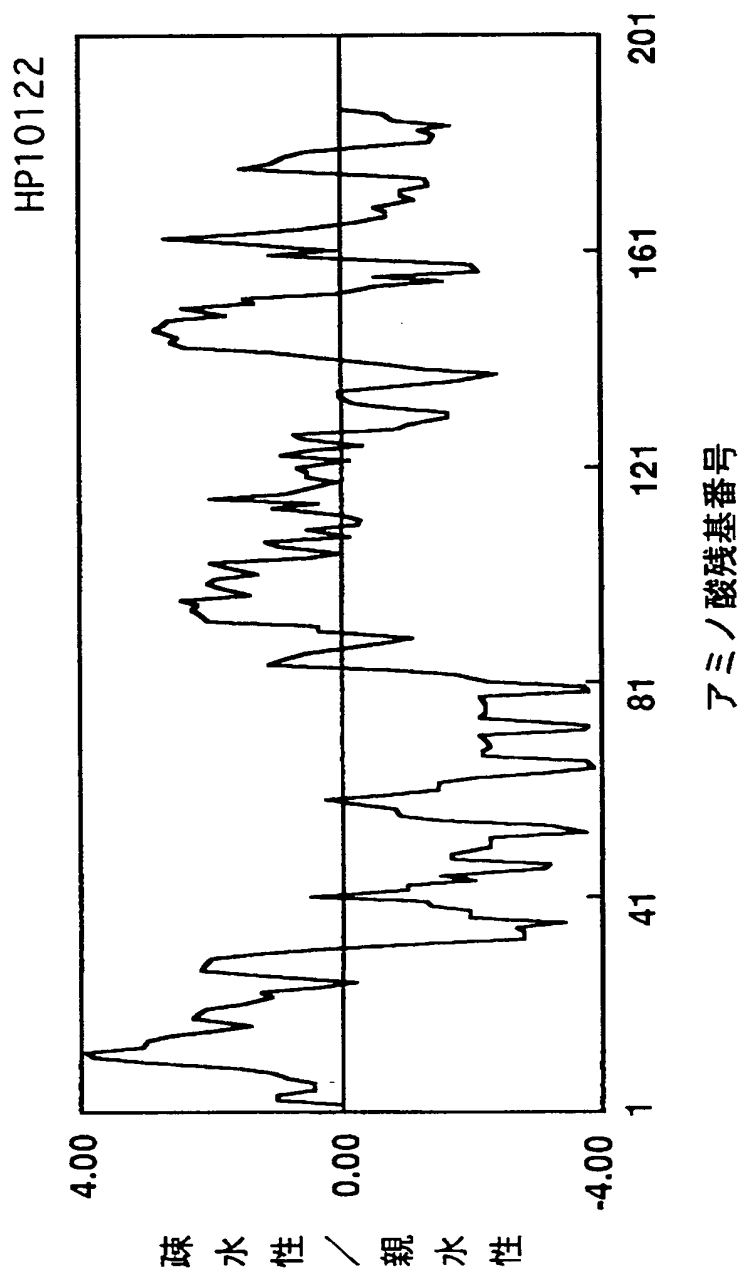
【図13】



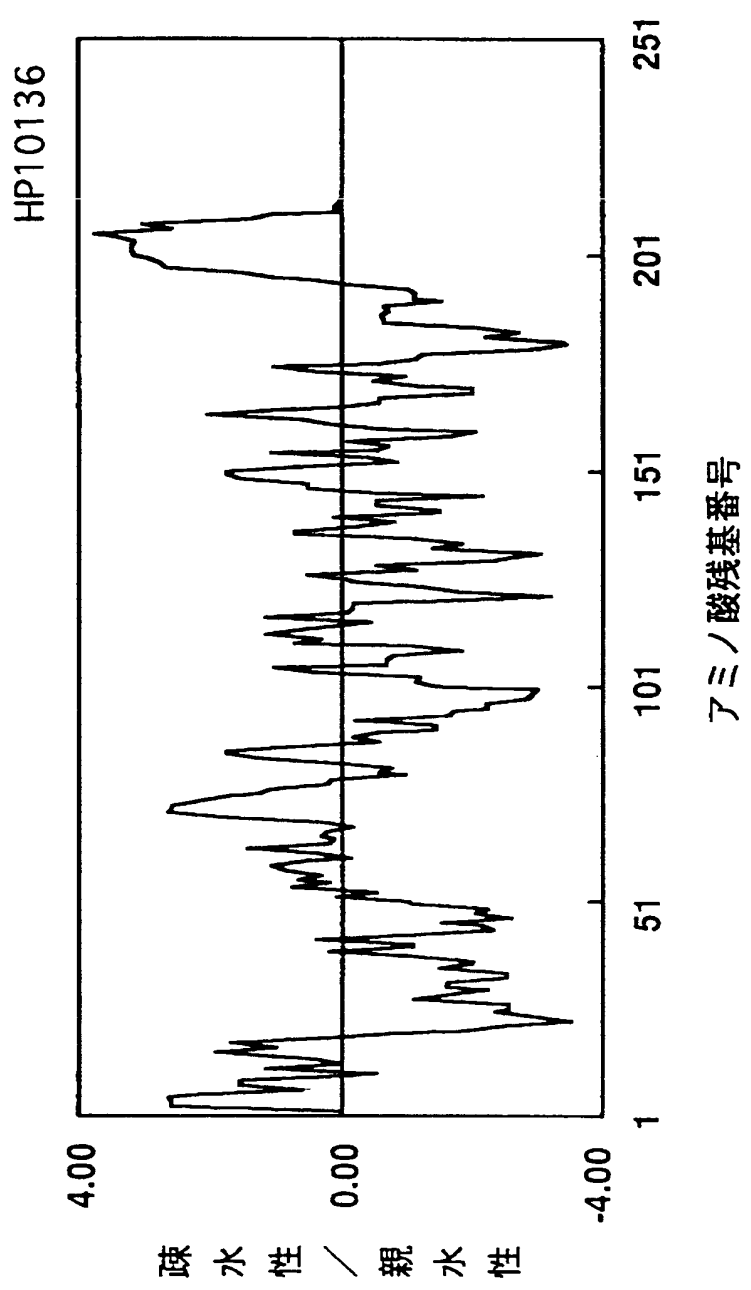
【図14】



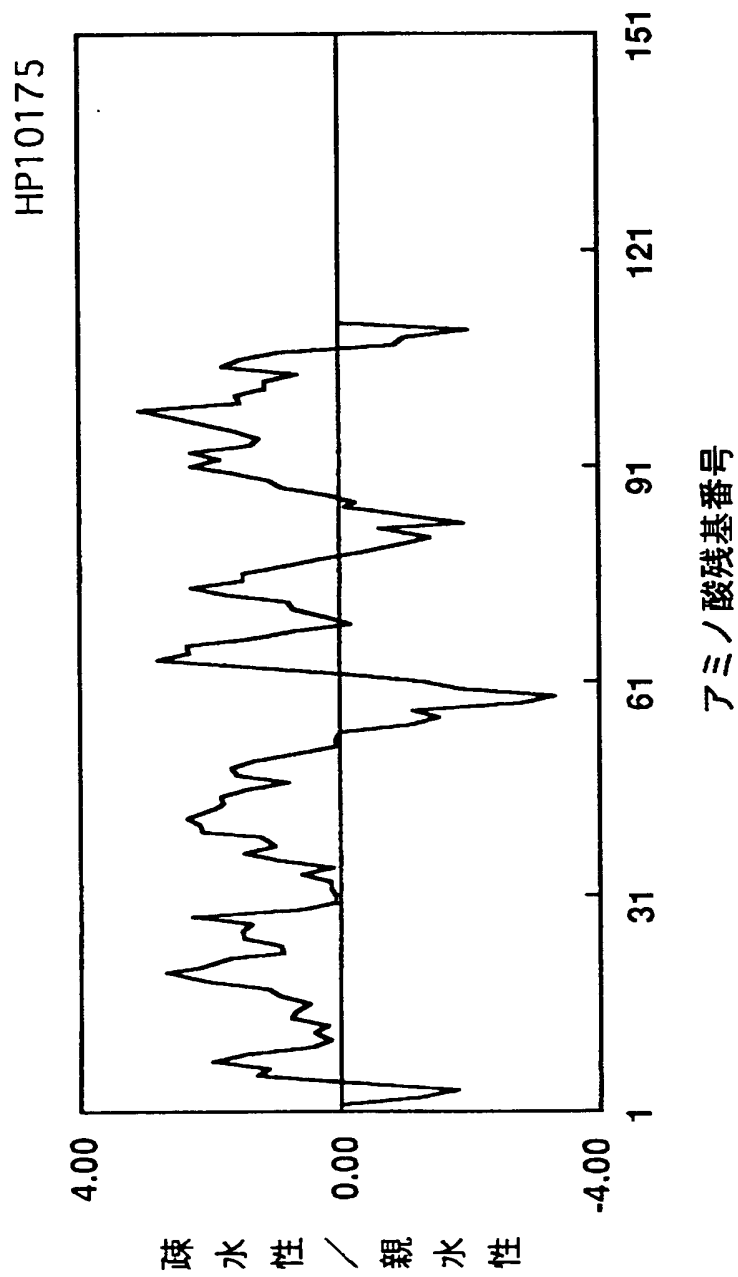
【図15】



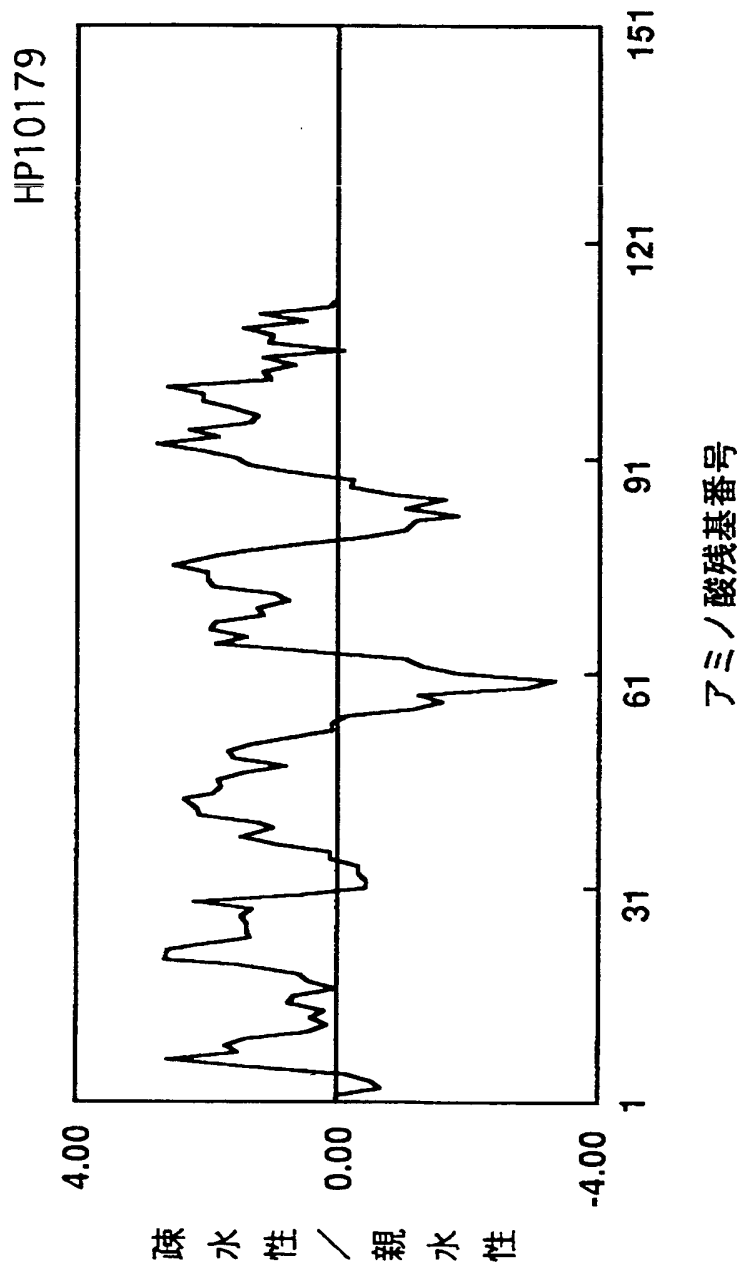
【図16】



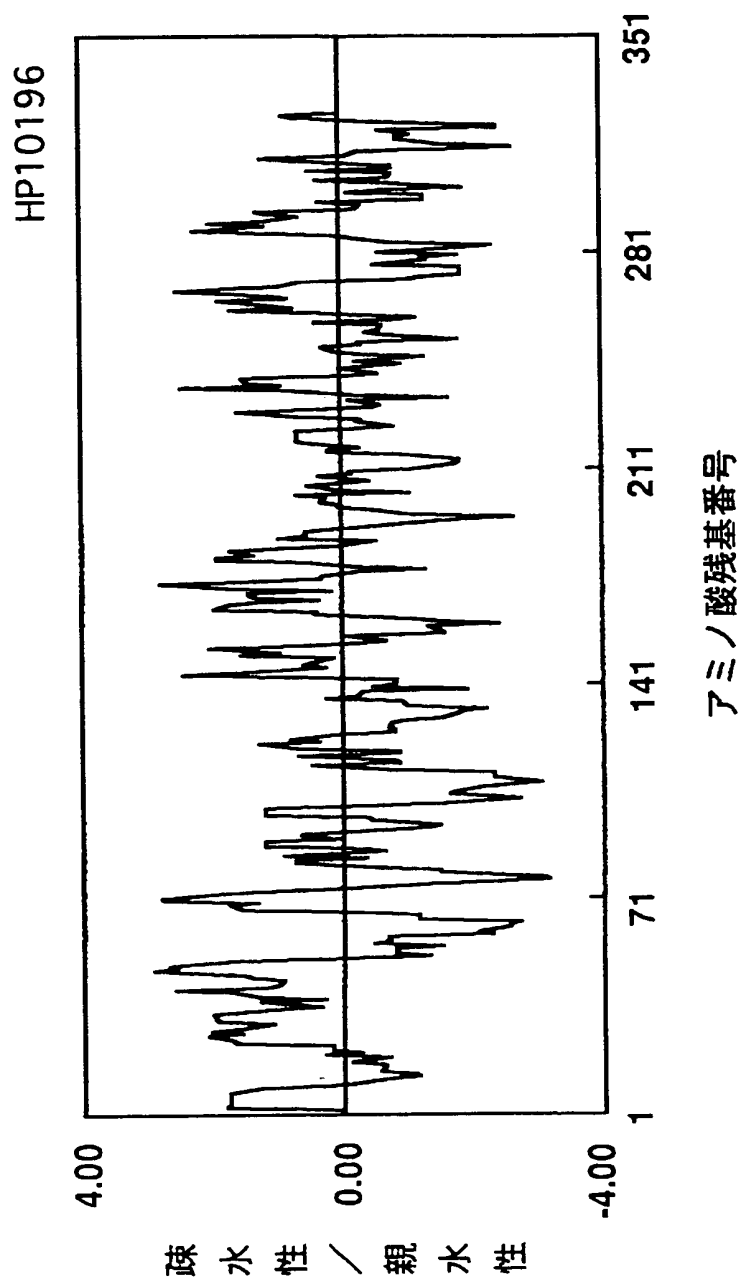
【図17】



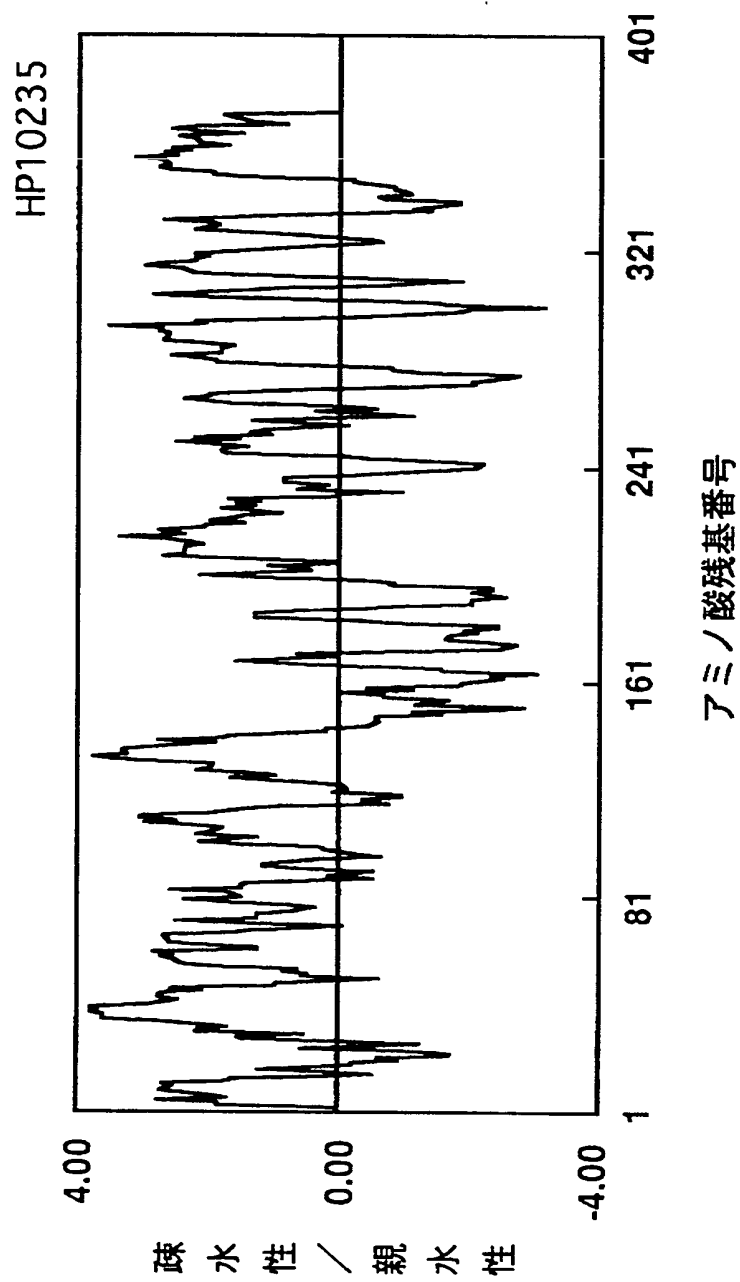
【図18】



【図19】

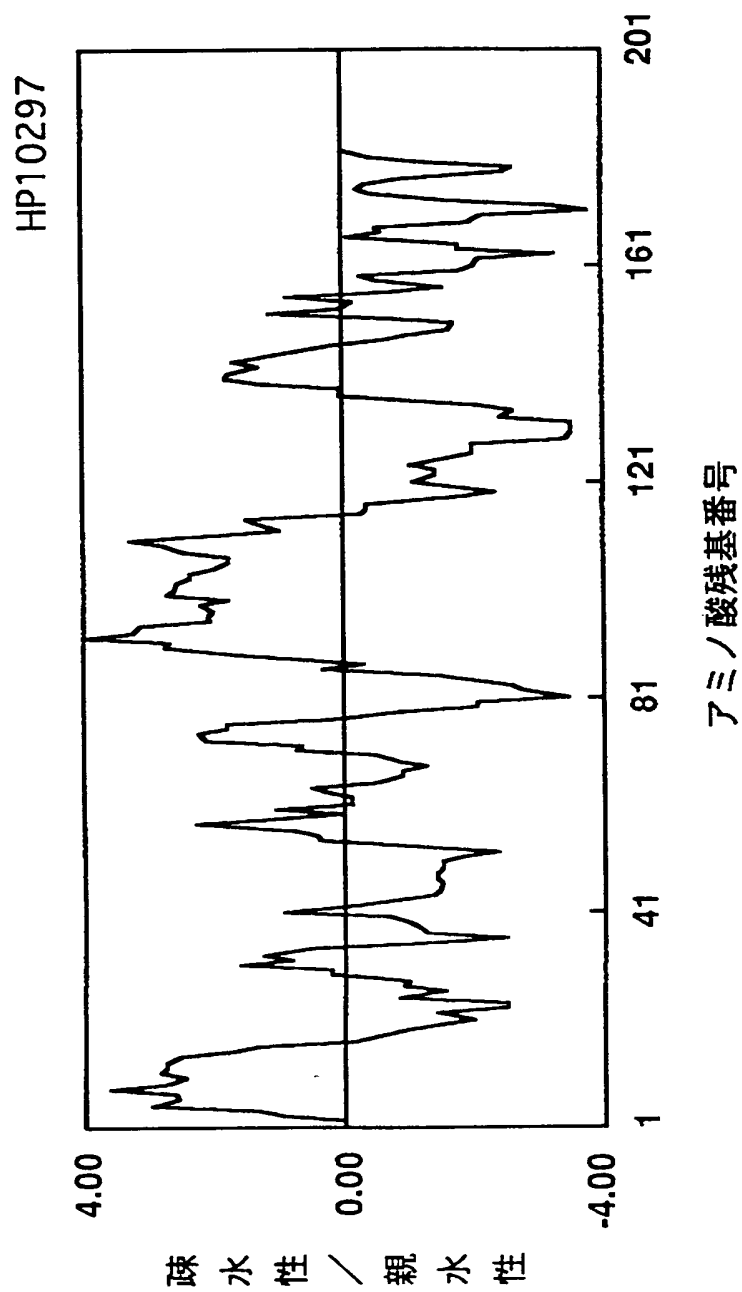


【図20】

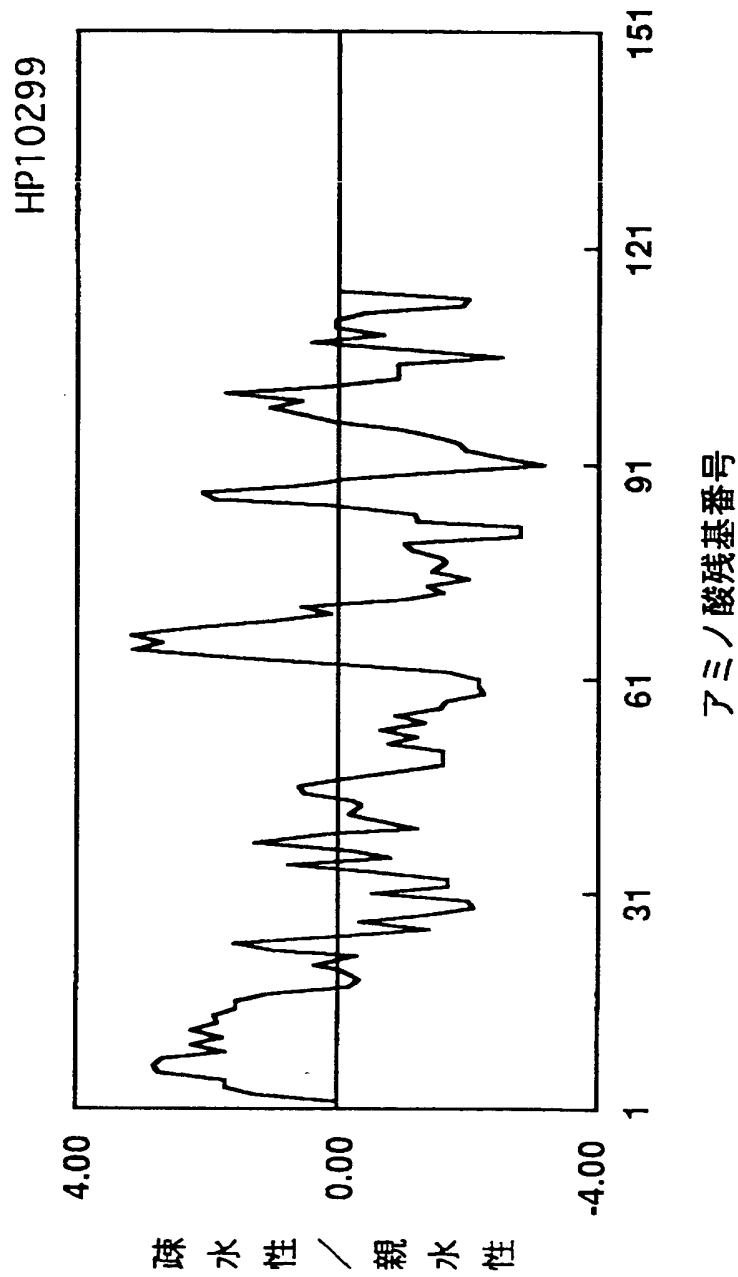




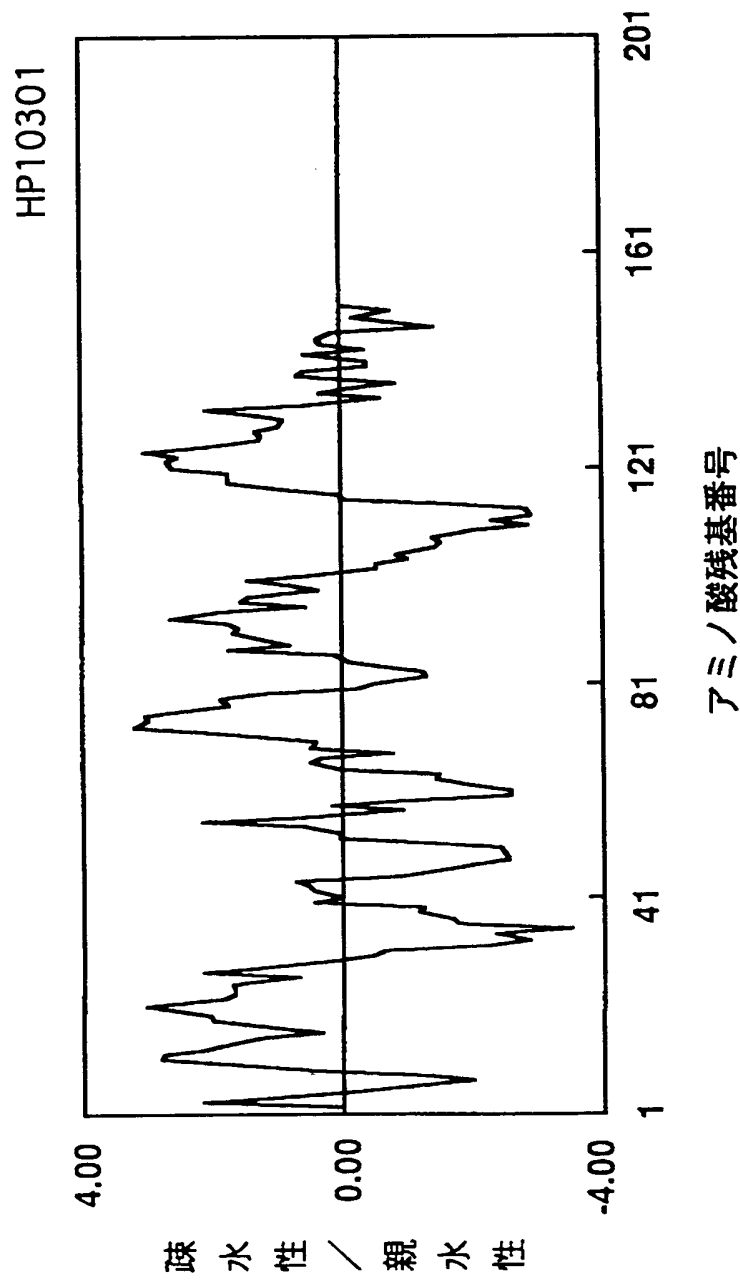
【図21】



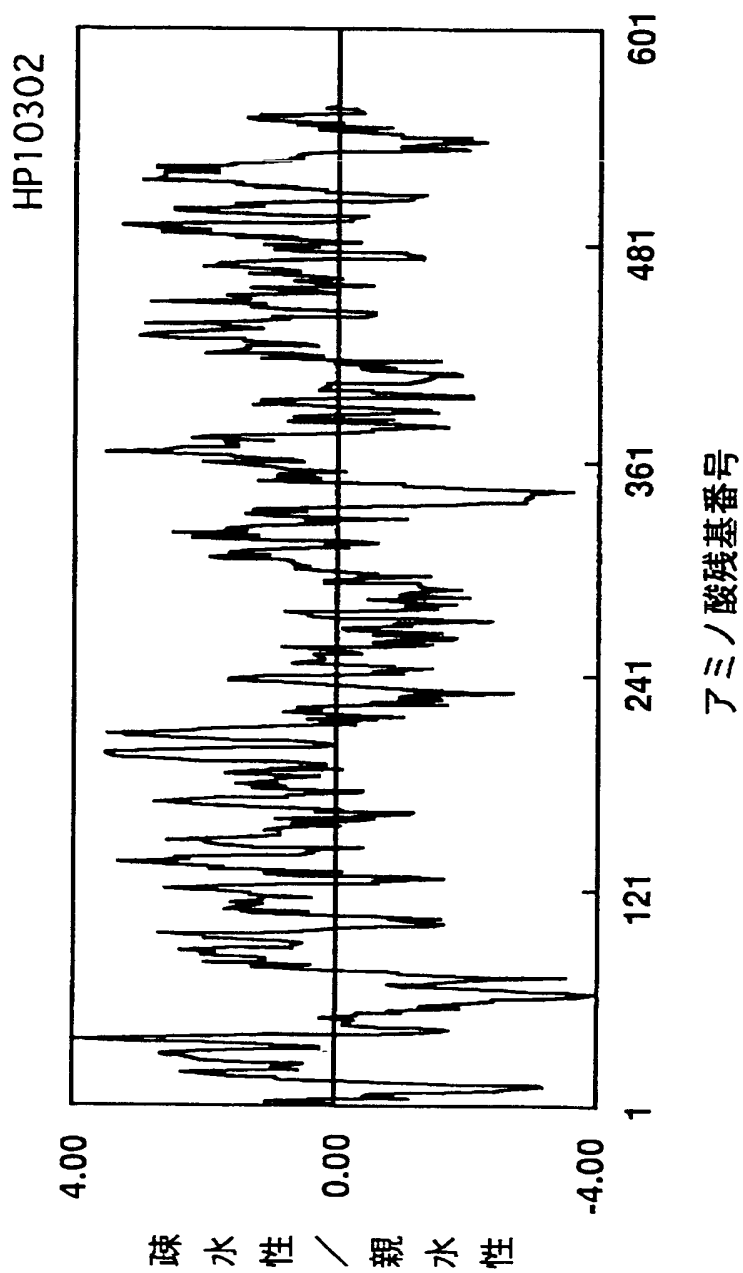
【図22】



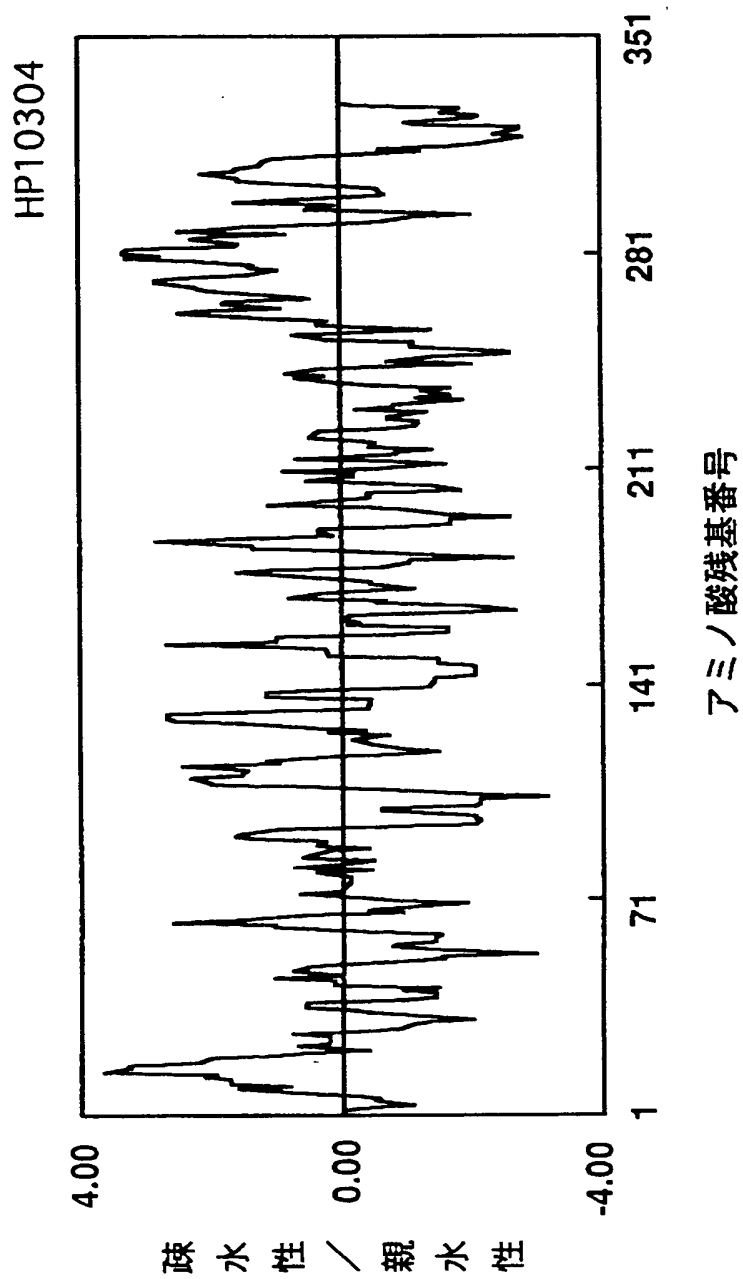
【図23】



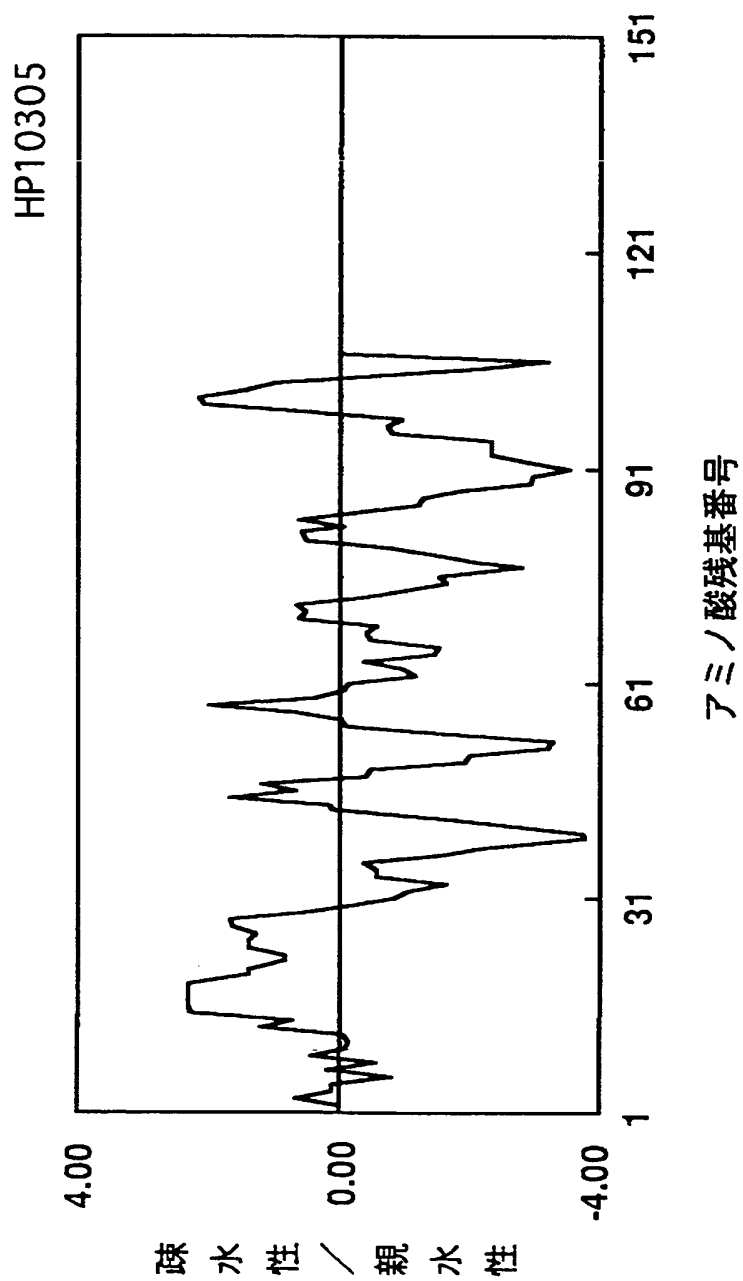
【図24】



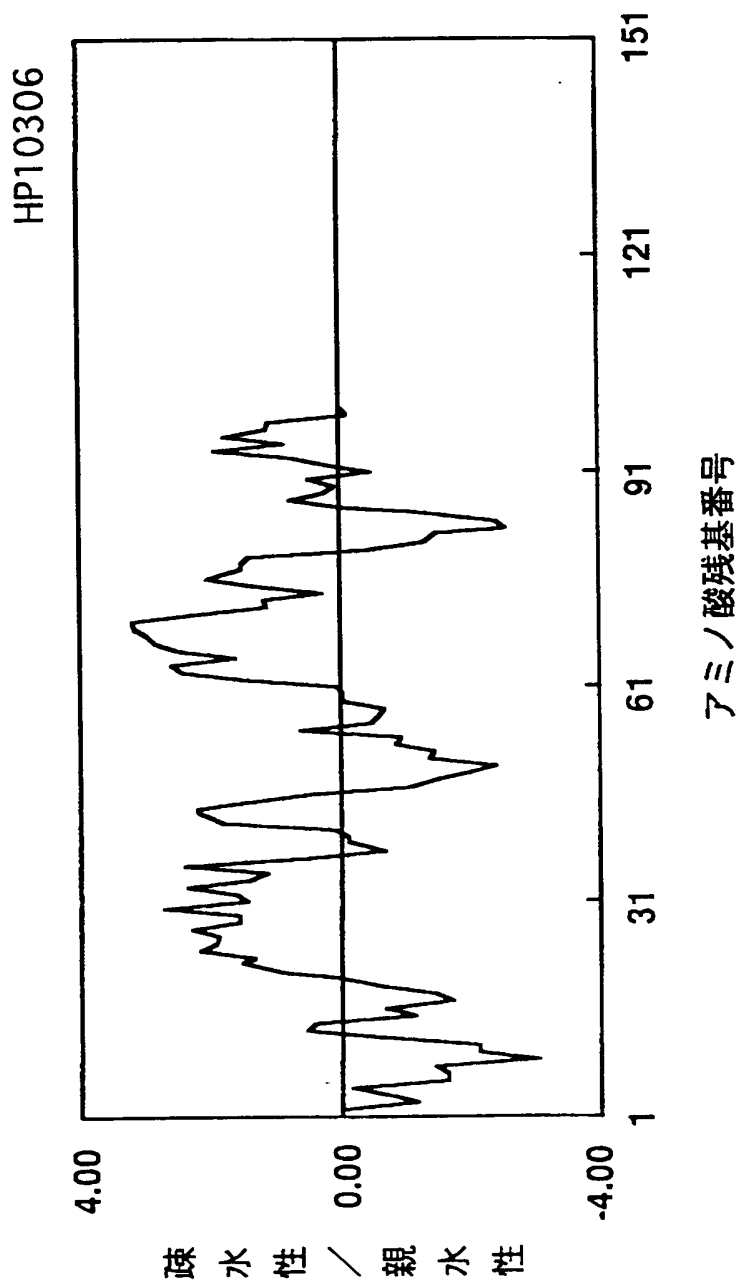
【図25】



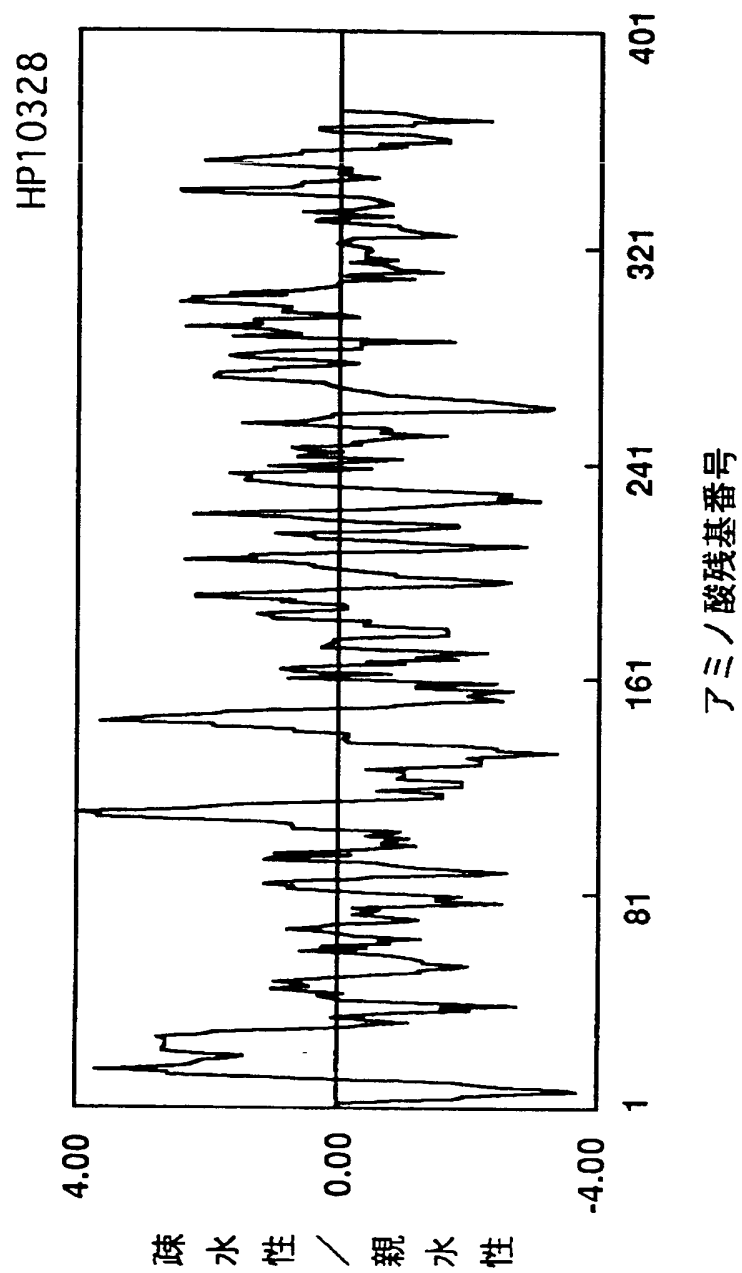
【図 26】



【図27】



【図28】





【書類名】 要約書

【要約】

【課題】 膜貫通ドメインを有するヒト蛋白質、およびそれをコードしている cDNA を提供する。

【解決手段】 配列番号 1 から配列番号 2 あるいは配列番号 4 から配列番号 25 で表されるアミノ酸配列のいずれかを含む蛋白質および該蛋白質をコードする DNA、例えば配列番号 26 から配列番号 50 で表される塩基配列を含む cDNA。膜貫通ドメインを有するヒト蛋白質をコードしている cDNA、およびこのヒト cDNA の組換え体を発現させることにより該蛋白質を提供することができる。

【選択図】 なし

【書類名】	職権訂正データ
【訂正書類】	特許願

<認定情報・付加情報>

【特許出願人】	申請人
【識別番号】	000173762
【住所又は居所】	神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号
【氏名又は名称】	財団法人相模中央化学研究所
【特許出願人】	
【識別番号】	596134998
【住所又は居所】	東京都目黒区中町2丁目20番3号
【氏名又は名称】	株式会社プロテジーン

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [000173762]

1. 変更年月日	1995年 4月14日
[変更理由]	住所変更
住 所	神奈川県相模原市西大沼4丁目4番1号
氏 名	財団法人相模中央化学研究所

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号 [596134998]

1. 変更年月日	1996年 9月13日
[変更理由]	新規登録
住 所	東京都目黒区中町2丁目20番3号
氏 名	株式会社プロテジーン